

(19) 世界知的所有権機関
国際事務局

(43) 国際公開日

2002年4月25日 (25.04.2002)

PCT

(10) 国際公開番号

WO 02/33072 A1

(51) 国際特許分類⁷: C12N 15/09, 15/62,
C07K 16/28, A61K 39/395[JP/JP]; 〒300-4101 茨城県新治郡新治村永井153-2 中
外製薬株式会社内 Ibaraki (JP).

(21) 国際出願番号: PCT/JP01/09259

(74) 代理人: 高木千嘉, 外(TAKAGI, Chiyoji et al.); 〒
102-0083 東京都千代田区麹町一丁目10番地 麹町広
洋ビル Tokyo (JP).

(22) 国際出願日: 2001年10月22日 (22.10.2001)

(25) 国際出願の言語: 日本語

(26) 国際公開の言語: 日本語

(30) 優先権データ:

特願2000-321821
2000年10月20日 (20.10.2000) JP
PCT/JP01/03288 2001年4月17日 (17.04.2001) JP
特願2001-277314 2001年9月12日 (12.09.2001) JP

(81) 指定国(国内): AE, AG, AL, AM, AT, AU, AZ, BA, BB,
BG, BR, BY, BZ, CA, CH, CN, CO, CR, CU, CZ, DE, DK,
DM, DZ, EC, EE, ES, FI, GB, GD, GE, GH, GM, HR, HU,
ID, IL, IN, IS, JP, KE, KG, KP, KR, KZ, LC, LK, LR, LS,
LT, LU, LV, MA, MD, MG, MK, MN, MW, MX, MZ, NO,
NZ, PH, PL, PT, RO, RU, SD, SE, SG, SI, SK, SL, TJ, TM,
TR, TT, TZ, UA, UG, US, UZ, VN, YU, ZA, ZW.(71) 出願人(米国を除く全ての指定国について): 中
外製薬株式会社 (CHUGAI SEIYAKU KABUSHIKI
KAISHA) [JP/JP]; 〒115-8543 東京都北区浮間5丁目
5番1号 Tokyo (JP).(84) 指定国(広域): ARIPO 特許 (GH, GM, KE, LS, MW,
MZ, SD, SL, SZ, TZ, UG, ZW), ユーラシア特許 (AM,
AZ, BY, KG, KZ, MD, RU, TJ, TM), ヨーロッパ特許
(AT, BE, CH, CY, DE, DK, ES, FI, FR, GB, GR, IE, IT,
LU, MC, NL, PT, SE, TR), OAPI 特許 (BF, BJ, CF, CG,
CI, CM, GA, GN, GQ, GW, ML, MR, NE, SN, TD, TG).

(72) 発明者; および

(75) 発明者/出願人(米国についてのみ): 土屋政幸
(TSUCHIYA, Masayuki) [JP/JP]. 大友俊彦 (OHTOMO,
Toshihiko) [JP/JP]; 〒412-8513 静岡県御殿場市駒門1
丁目135番地 中外製薬株式会社内 Shizuoka (JP). 納
田尚弘 (YABUTA, Naohiro) [JP/JP]. 角田浩行 (TSUN-
ODA, Hiroyuki) [JP/JP]. 織田哲郎 (ORITA, Tetsuro)添付公開書類:
— 國際調査報告書2文字コード及び他の略語については、定期発行される
各PCTガゼットの巻頭に掲載されている「コードと略語
のガイド」を参照。

(54) Title: DEGRADED TPO AGONIST ANTIBODY

(54) 発明の名称: 低分子化TPOアゴニスト抗体

(57) Abstract: A modified antibody containing at least two H chain V domains and at least two L chain V domains of a monoclonal antibody which transduces a signal into cells by crosslinking a TPO receptor to thereby exert TPO agonism. Because of being usable as a TPO signal transduction agonist, this modified antibody is useful as a preventive and/or a remedy for blood diseases in which platelet reduction participates, thrombopenia following chemotherapy for cancer or leukemia, etc.

(57) 要約:

本発明は、TPOレセプターを架橋することにより細胞内にシグナル伝達して
TPOアゴニスト作用を奏しうる、モノクローナル抗体のH鎖V領域を2つ以上
及びL鎖V領域を2つ以上含む改変抗体に関する。この改変抗体は、TPOによ
るシグナル伝達のアゴニストとして使用することができ、血小板減少が関与する
血液疾患、癌や白血病等の化学治療後の血小板減少症などの予防及び/又は治療
薬等として有用である

WO 02/33072 A1

明 細 書
低分子化T P Oアゴニスト抗体

技術分野

5 本発明は、T P Oレセプターを架橋することによりT P Oアゴニスト作用を示す、抗体のH鎖V領域を2つ以上及びL鎖V領域を2つ以上含む改変抗体に関する。当該改変抗体は、T P Oレセプターを架橋することにより細胞内にシグナルを伝達しうるT P Oアゴニスト作用を有しており、種々の医薬として有用である。

10 背景技術

トロンボポエチン (T P O) は、1994年に発見された血小板産生調節因子であり、主に肝臓で産生される分子量7万～8万の糖タンパク質からなることが知られている。トロンボポエチンは、骨髓において血小板前駆体細胞の生存、増殖、分化および成熟、即ち巨核球の分化および増殖を促進するサイトカインである。

15 一方、トロンボポエチン (T P O) レセプターは、血小板産生を調節する特異的因子の受容体c-Mp 1としてT P Oより先に同定されていた (M. Souyri et al., Cell 63: 1137 (1990))。c-Mp 1は、血小板前駆細胞、巨核球及び血小板に局在し、c-Mp 1の発現の抑制が巨核球形成を選択的に阻害することが報告された (M. Methia et al., Blood 82: 1395 (1993))。そして、c-Mp 1に対するリガンドは、c-Mp 1リガンド特異的細胞の増殖アッセイ及び精製手段としてのc-Mp 1を用いたそのリガンドの精製からT P Oであることが報告され (F. de Sauvage et al., Nature 369: 533 (1994); TD. Bartley et al., Cell 77:1117 (1994))、現在、Mp 1はT P Oレセプターと称されている。このため、T P OおよびT P Oレセプターのアゴニストは、種々の血小板減少症の治療薬として、例えば癌患者に対する骨髓抑制及び脊髄切断療法に付随する血小板減少症を緩和する医薬としての応用が期待されている。

一方、改変抗体、特に低分子化抗体、例えば一本鎖Fvは、その低分子化により組織、腫瘍等への移行性を改善し、遺伝子工学的に調製する目的で開発された

ものであるが、近年、一本鎖 F v のダイマー、特に、二重特異性 [bispecific] のダイマーが細胞同士の架橋を目的として使用されている。このようなダイマーとしては、代表的には癌細胞抗原と N K 細胞や好中球など宿主細胞抗原を認識する一本鎖 F v のヘテロダイマー等が知られている (Kipriyanov et al., Int. J. Cancer, 77, 9763-9772, 1998)。これらは、細胞間架橋を誘導させることにより癌を治療するためのより効率的な改変抗体として、一本鎖 F v の構築技術から作成されたものである。このため、抗体およびその断片 (例えば F a b 断片など) および二重特異性の改変抗体、さらには単一特異性である一本鎖 F v のダイマーでも細胞間の架橋が誘導されると考えられていた。

また、細胞表面分子を架橋してシグナルを伝達しうるモノクローナル抗体として、例えば細胞の分化・増殖に関する E P O 受容体に対する抗体 (特開 2000-95800 号公報)、M u S K 受容体に対する抗体 (Xie et al., Nature Biotech. 15, 768-771, 1997) などが知られている。また、T O P レセプターに対するアゴニスト抗体、その断片および一本差 F v なども知られている (WO99/17364)。しかし、アゴニスト作用を有する一本鎖 F v のダイマーおよび一本鎖 2 価抗体等の改変抗体については報告はない。

そこで、先ず本発明者らは、I A P を有する細胞に対してアポトーシスを誘起するモノクローナル抗体 (M A B L - 1 および M A B L - 2 抗体) を取得し、それをもとに作製した一本鎖 F v のモノマーは細胞にアポトーシスを誘起せず、ダイマーが細胞に対してアポトーシスを誘導することに注目し、これらが細胞表面上の I A P 受容体を架橋 (2 量体化) することにより当該細胞にシグナルが伝達されて、その結果アポトーシスが誘導されたことを突き止めた。即ち、これは、単一特異性の一本鎖 F v ダイマーが細胞表面上の分子 (例えば受容体) を架橋することにより、リガンドと同様にシグナルを伝達し、これによりアゴニスト作用を示しうること示唆するものである。

次に細胞間の架橋形成に注目したところ、前記モノクローナル抗体は赤血球凝集を引き起こすが、前記一本鎖 F v のダイマーは赤血球凝集を起こさないことを見出した。同様の結果は、一本鎖 2 価抗体 (2 つの H 鎖 V 領域及び 2 つの L 鎖 V

領域を含む一本鎖ポリペプチド) でも観察された。即ち、これはモノクローナル抗体では細胞間で架橋が形成される可能性があるのに対して、一本鎖 Fv ダイマーまたは一本鎖 2 価抗体等の改変抗体では、細胞表面上の分子を架橋するが、細胞間の架橋を形成しないことを示唆するものである。

5 本発明者は、これらの結果から、一本鎖 Fv ダイマーや一本鎖 2 価抗体等の改変抗体が、従来知られていた細胞間の架橋だけでなく、同じ細胞の細胞表面分子あるいは細胞内分子を架橋する、当該分子に対するリガンド（特に天然のリガンドの作用を模倣するようなリガンド）として特に適していることを初めて見出した。

10 さらに、本発明者は、抗体分子（whole IgG）を一本鎖 Fv ダイマーまたは一本鎖 2 価抗体などの改変抗体にすることにより、細胞間の架橋などによる副作用を軽減し、且つ細胞表面上の分子を架橋して、細胞に所望の作用のみを誘起しうる新規な医薬品を提供しうることを見出し、本発明を完成させた。また、
15 本発明の改変抗体は、当該改変抗体と同じ V 領域を有する whole の抗体（IgG）と比較して顕著に高い活性を有しており、さらに抗体分子に比べ分子量が小さく、定常領域を有しないという特徴から、組織移行性が向上しているという特徴を有している。

発明の開示

20 本発明の課題は、TPO レセプターを架橋することにより TPO アゴニスト作用を示す、抗体の H鎖 V 領域を 2 つ以上及び L鎖 V 領域を 2 つ以上含む低分子化アゴニスト改変抗体を提供することである。

従って、本発明は、TPO レセプターを架橋することにより TPO アゴニスト作用を示す、抗体の H鎖 V 領域を 2 つ以上及び L鎖 V 領域を 2 つ以上、好ましくは各々 2~6、さらに好ましくは各々 2~4、特に好ましくは各々 2 つ含む改変抗体に関する。

本明細書において「改変抗体」とは、抗体の H鎖 V 領域を 2 つ以上及び L鎖 V 領域を 2 つ以上含み、これら各 V 領域を直接的あるいはリンカー等を介して共有

結合および／または非共有結合により結合した任意の物質を意味する。具体的には、抗体の各V領域をペプチドリンクー、化学架橋剤等のリンクーで結合したポリペプチドまたは化合物等があげられる。なお、本発明の改変抗体において、抗体由来の2つ以上のH鎖V領域及びL鎖V領域は各々、同一または異なる抗体由来のH鎖V領域及びL鎖V領域であってもよい。

本発明の改変抗体は、TPOレセプターを特異的に認識して当該レセプターを架橋し、これにより細胞内にシグナルを伝達しうるものであればいかなるものでもよく、さらには、該改変抗体のV領域のアミノ酸配列の一部を改変した改変抗体も包含される。

本発明の改変抗体は、好ましくは1つのH鎖V領域及び1つのL鎖V領域を含む一本鎖Fvのダイマー、トリマー、テトラマー等のマルチマーであるか、又は2つ以上のH鎖V領域及び2つ以上のL鎖V領域を含む一本鎖ポリペプチドである。本発明の改変抗体が1つのH鎖V領域及び1つのL鎖V領域を含む一本鎖Fvのダイマー、トリマー、テトラマー等のマルチマーである場合、同じ鎖上のH鎖V領域及びL鎖V領域は互いに連合して1つの抗原結合部位を形成していないものが好ましい。

特に好ましくは、1つのH鎖V領域及び1つのL鎖V領域を含む一本鎖Fvのダイマー、又は2つのH鎖V領域及び2つのL鎖V領域を含む一本鎖ポリペプチドである。該改変抗体中において、H鎖V領域及びL鎖V領域は、好ましくはリンクーを介して連結されている。

前記一本鎖Fvのマルチマーは、非共有結合によるマルチマー、架橋基を介した共有結合によるマルチマー、さらに前記一本鎖Fvと結合しうる架橋剤（抗体、抗体断片、又は2価の改変抗体）を介したマルチマーが包含される。マルチマーを形成させる架橋基は、ペプチドの架橋に用いられている公知の架橋基を用いることができるが、例えばシステイン残基によるジスルフィド架橋、他の架橋基、例えばC₄～C₁₀アルキレン（例えば、テトラメチレン、ペンタメチレン、ヘキサメチレン、ヘプタメチレンおよびオクタメチレンなど）またはC₄～C₁₀アルケニレン（cis/trans-3-ブテニレン、cis/trans-2-ペンテニレン、cis/

trans-3-ペンテニレンおよび*cis*/*trans*-3-ヘキセニレンなど)である。

また、一本鎖Fvと結合しうる架橋剤は、例えばFv中に随意に導入しうるアミノ酸配列、例えばFLAG配列等に対する抗体もしくはその断片、またはその抗体由来の改変抗体、例えば一本鎖Fvである。

5 本明細書において「TPOアゴニスト作用」とは、TPOレセプターを架橋することにより細胞内にシグナルが伝達されて該細胞に生じる生物学的作用をいい、具体的には、巨核球の増殖、分化または成長の刺激、血小板の産生等の作用をいう。

本発明において、TPOアゴニスト作用のED50値は、公知のTPOアゴニスト作用の測定法より求めることができる。具体的には、BaF/mp1やUT7/TPOなどのTPO反応性細胞株を用いた細胞増殖アッセイ、MPLTンパクのリン酸化測定、骨髄細胞からの分化による巨核球コロニーアッセイ、インビボでのマウス血小板回復合成アッセイ、ヒト白血病巨核芽球細胞株(CMK)を用いた血小板抗原GPIIbIIIa(抗GPIIbIIIa)発現の誘導、巨核芽球細胞株(DAMI)における倍数化の誘導等により測定することができ、その反応容量曲線の最大活性を100%とし、反応率50%となる用量をED50%値とする。

本発明の改変抗体は、当該改変抗体と同一の抗原結合領域を有する抗体、即ち、当該改変抗体の抗原結合領域を形成するH鎖V領域とL鎖V領域の対と同一のH鎖V領域とL鎖V領域の対を有するIgG等のwholeの抗体(以下、親抗体という)と比較して同等以上のTPOアゴニスト作用(ED50値)を示すものが好ましい。さらに、親抗体と比較して2倍以上、好ましくは5倍以上、さらに好ましくは10倍以上のTPOアゴニスト作用(ED50値)を示すものが好ましい。また、TPOレセプターには結合するが、TPOアゴニスト作用を実質的に有さない親抗体と同一の抗原結合領域を形成するH鎖V領域とL鎖V領域の対を有する改変抗体であって、当該改変抗体はアゴニスト作用を有するものも本発明に含まれる。

本発明の抗体のH鎖V領域を2つ以上及びL鎖V領域を2つ以上含む化合物とは、トロンボポエチン(TPO)と比較して同等以上のTPOアゴニスト作用(ED50値)を示し、抗体のH鎖V領域を2つ以上及びL鎖V領域を2つ以上含む

化合物であればいかなるものでもよく、TPOと比較して2倍以上、好ましくは5倍以上、さらに好ましくは10倍以上のTPOアゴニスト作用 (ED50値) を示す化合物が好ましい。

ここでいう「化合物」とは、本発明の改変抗体に限らず、wholeの抗体、5 F(ab')₂等、2つ以上、好ましくは2~6、さらに好ましくは2~4、特に好ましくは2つの抗原結合部位を有するものであればいかなるものも含まれる。

本発明の抗体のH鎖V領域を2つ以上及びL鎖V領域を2つ以上含む改変抗体または化合物は、親抗体と比較して、1/10以下の細胞間接着作用 (ED50値) を示すものが好ましく、細胞間接着作用を実質的に有さないものが特に好ましい。

10 ここでいう細胞間接着作用のED50値とは、公知の細胞間接着作用の測定法、例えばTPOレセプターを発現する細胞の凝集を指標にしてより求めることができる。

本発明は上記改変抗体をコードするDNAに関する。

本発明は上記改変抗体を産生する動物細胞または微生物に関する。

15 本発明は上記改変抗体のTPOアゴニストとしての使用に関する。

本発明は上記改変抗体を用いてTPOレセプターを架橋することにより細胞内にシグナル伝達を起し、巨核球の増殖、分化誘導または成長の刺激、血小板の產生、TPOレセプタータンパク質のリン酸化等のTPOアゴニスト作用を生じさせる方法に関する。

20 本発明は、上記改変抗体を有効成分として含む血小板減少症治療剤等の医薬に関する。

本発明は、上記改変抗体の医薬としての使用に関する。

本発明は、TPOレセプターを架橋することによりTPOアゴニスト作用を示す、抗体のH鎖V領域を2つ以上及びL鎖V領域を2つ以上含む改変抗体のスクリーニング方法又は測定方法であって、1) TPOレセプターに特異的に結合する、抗体のH鎖V領域を2つ以上及びL鎖V領域を2つ以上含む改変抗体を作製し、2) TPOレセプターを発現している細胞と該改変抗体とを接触させ、3) TPOレセプターを架橋することにより該細胞に生ずるTPOアゴニスト作用を

測定する、工程を含むスクリーニング方法又は測定方法に関する。本発明の測定方法は、本発明の改変抗体を医薬品として製造する場合の品質管理に用いることができる。

本発明の改変抗体は、単一特異性 (mono-specific) 改変抗体でも、二重特異性 5 (bi-specific) 改変抗体等の多重特異性 (multi-specific) 改変抗体であってもよいが、好ましくは単一特異性 (mono-specific) 改変抗体である。

本発明はまた、改変抗体のH鎖V領域及び／又はL鎖V領域が、ヒト抗体由來のH鎖V領域及び／又はヒト抗体由來のL鎖V領域である改変抗体に関する。ヒト抗体由來のH鎖V領域及びL鎖V領域は、例えばWO 99/10494号公報に記載された方法のように、ヒトモノクローナル抗体のライブラリーをスクリーニングすることにより得ることができる。また、トランスジェニックマウス等から作製されたヒトモノクローナル抗体由來のH鎖V領域及びL鎖V領域も含まれる。

さらに本発明は、改変抗体のH鎖V領域及び／又はL鎖V領域が、ヒト型化H鎖V領域及び／又はヒト型化L鎖V領域である改変抗体に関する。詳細には、ヒトモノクローナル抗体L鎖V領域のフレームワーク領域 (FR) とヒト以外の哺乳動物 (例えば、マウス、ラット、ウシ、ヒツジ、サルなど) のモノクローナル抗体のL鎖V領域の相補性決定領域 (complementarity determining region；以下CDRとする) を含むヒト型化L鎖V領域及び／又はヒトモノクローナル抗体H鎖V領域のFRとヒト以外の哺乳動物 (例えば、マウス、ラット、ウシ、ヒツジ、サルなど) モノクローナル抗体のH鎖V領域のCDRを含むヒト型化H鎖V領域から構成される。この場合、CDRおよびFRのアミノ酸配列を一部改変 (例えば、欠失、置換又は付加) してもよい。

本発明はまた、改変抗体のH鎖V領域及び／又はL鎖V領域が、ヒト以外の動物 (例えば、マウス、ラット、ウシ、ヒツジ、サル、ニワトリなど) のモノクローナル抗体由來のH鎖V領域及び／又はL鎖V領域も含まれる。この場合、CDRおよびFRのアミノ酸配列を一部改変 (例えば、欠失、置換又は付加) してもよい。

本発明はまた、前記種々の改変抗体をコードするDNA、該DNAを含んで成る組換えベクターを製造する遺伝子工学的方法に関する。

本発明はまた、該組換えベクターにより形質転換された宿主に関する。宿主は、例えばヒト細胞、マウス細胞などの動物細胞、又は大腸菌、枯草菌、酵母などの微生物である。

本発明はまた、上記の宿主を培養し、培養物から改変抗体を採取することを特徴とする、改変抗体の製造方法に関する。

さらに本発明は、一本鎖Fvを産生する宿主動物細胞を無血清培地で培養して該培地中に一本鎖Fvを分泌させ、該培地中で形成された一本鎖Fvのダイマーを含む該培地上清を精製することを特徴とする一本鎖Fvのダイマーの製造方法に関する。

本発明はまた、改変抗体のTPOアゴニストとしての使用に関する。即ち、前記得られた改変抗体を有効成分として含有するシグナル伝達アゴニストに関する。

故に、本発明のTPOアゴニスト改変抗体を有効成分として含有する医薬製剤は、血小板減少が関与する血液疾患、癌や白血病等の化学治療後の血小板減少症などの治療及び／又は予防に有用である。

本発明の改変抗体は、抗体に由来するH鎖V領域を2つ以上及びL鎖V領域を2つ以上含む。当該改変抗体の構成としては、好ましくは1つのH鎖V領域及び1つのL鎖V領域を含む一本鎖Fvのダイマー又は2つのH鎖V領域及び2つのL鎖V領域を含むポリペプチドとすることができる。該改変抗体中において、H鎖およびL鎖のV領域は、1個以上のアミノ酸からなるペプチドリンカーを介して連結されているのが好ましい。これらの改変抗体は、モノクローナル抗体の可変領域を含有し、とのモノクローナル抗体と同一の特異性をもって抗原に結合する。

H鎖V領域

本発明において、抗体に由来するH鎖V領域には、TPOレセプターを認識し、且つ前記分子を架橋してオリゴマー化、例えば2量体化することにより、細胞内

にシグナルを伝達しうる、抗体のH鎖V領域であって、哺乳動物（例えば、ヒト、マウス、ラット、ウシ、ヒツジ、サルなど）に由来するH鎖V領域又は前記H鎖V領域のアミノ酸配列を一部改変したH鎖V領域も本発明におけるH鎖V領域に包含されるが、ヒトモノクローナル抗体H鎖V領域のFRとマウスモノクローナル抗体のH鎖V領域のCDRを含むヒト型化H鎖V領域が好ましい。さらに、組換え技術を使用して作成し得る、ヒト由来のアミノ酸配列を有するH鎖V領域も好ましい。また、本発明のH鎖V領域には、前記H鎖V領域の断片であって、抗原結合性を保持する領域も包含される。

L鎖V領域

本発明におけるL鎖V領域には、TPOレセプターを認識し、且つ前記分子を架橋してオリゴマー化、例えば2量体化することにより、細胞内にシグナルを伝達しうる、抗体のL鎖V領域であって、哺乳動物（例えば、ヒト、マウス、ラット、ウシ、ヒツジ、サルなど）に由来するL鎖V領域又は前記L鎖V領域のアミノ酸配列を一部改変したL鎖V領域も本発明におけるL鎖V領域に包含されるが、ヒトモノクローナル抗体L鎖V領域のFRとマウスモノクローナル抗体のL鎖V領域のCDRを含むヒト型化L鎖V領域が好ましい。さらに、組換え技術を使用して作成し得る、ヒト由来のアミノ酸配列を有するL鎖V領域も好ましい。また、本発明のL鎖V領域には、前記L鎖V領域の断片であって、抗原結合性を保持する領域も包含される。

相補性決定領域（CDR）

L鎖及びH鎖の各V領域は抗原結合部位を形成し、L鎖及びH鎖上の可変領域は共通性のある比較的保存された4個のフレームワークと3個の超可変又は相補性決定領域（CDR）により連結されている（Kabat, E. A. ら、「Sequences of Proteins of Immunological Interest」 US Dept. Health and Human Services, 1983）。

前記4個のフレームワーク領域（FR）の多くの部分はβシート構造をとり、その結果3個のCDRはループを形成し、CDRは場合によりβシート構造の一部分を形成することもある。3個のCDRはFRによって相互に立体的に非常

に近い位置に保持され、そして対をなす領域の3個のCDRと共に抗原結合部位の形成に寄与する。

これらのCDR領域は、得られた抗体のV領域のアミノ酸配列と既知抗体のV領域の既知アミノ酸配列とを照合することによって、Kabat, E. A.ら、「Sequences of Proteins of Immunological Interest」の経験則から見出すことができる。

一本鎖Fv

一本鎖Fvは、抗体に由来する、連結したH鎖V領域及びL鎖V領域を含むポリペプチドのモノマーであり、得られる一本鎖Fvはもとの抗体の可変領域を含有し、相補性決定領域を保存するため、もとの抗体と同一の特異性をもって抗原に結合する（特願平11-63557号）。さらに、本発明の一本鎖Fvにおいて、前記可変領域および／またはCDRの一部またはそのアミノ酸配列の一部を改変（例えば、欠失、置換又は付加）することができる。本発明の一本鎖Fvを構成するH鎖V領域及びL鎖V領域は上述したものであり、H鎖V領域とL鎖V領域を直接又はリンカー、好ましくはペプチドリンカーを介して連結することができ、その構成としては、[H鎖V領域] - [L鎖V領域]、[L鎖V領域] - [H鎖V領域]のいずれでもよい。本発明においては、これら一本鎖Fvはダイマー、トリマー又はテトラマーを形成させ、本発明の改変抗体とすることができます。

一本鎖改変抗体

本発明の2つ以上のH鎖V領域及び2つ以上のL鎖V領域、好ましくは各々2～4、特に好ましくは各々2つ含む一本鎖改変抗体は、上述のような2つ以上のH鎖V領域とL鎖V領域をそれぞれ含有する。このポリペプチドにおいて各領域は、該一本鎖改変抗体が特定の立体構造、具体的には一本鎖Fvのダイマーが構成する立体構造を模倣し得るよう配置させる必要があり、例えば

[H鎖V領域] - [L鎖V領域] - [H鎖V領域] - [L鎖V領域]
又は

[L鎖V領域] - [H鎖V領域] - [L鎖V領域] - [H鎖V領域]
の順序で各領域が配置され、これらの領域はリンカーを介して連結される。

リンカー

本発明において、H鎖V領域とL鎖V領域とを連結するリンカーとしては、遺伝子工学により導入し得る任意のペプチドリンカー、又は合成化合物リンカー、例えば、Protein Engineering, 9(3), 299-305, 1996 に開示されるリンカーを用いることができる。これらのリンカーは同一分子内で同じ又は異なっていてよい。ペプチドリンカーを所望する場合、各々のリンカーの例としては：

S e r
G l y · S e r
G l y · G l y · S e r
10 S e r · G l y · G l y
G l y · G l y · G l y · S e r
S e r · G l y · G l y · G l y
G l y · G l y · G l y · G l y · S e r
S e r · G l y · G l y · G l y · G l y
15 G l y · G l y · G l y · G l y · G l y · S e r
S e r · G l y · G l y · G l y · G l y · G l y
G l y · G l y · G l y · G l y · G l y · G l y · S e r
S e r · G l y · G l y · G l y · G l y · G l y · G l y
(G l y · G l y · G l y · G l y · S e r) n
20 (S e r · G l y · G l y · G l y · G l y) n

[nは1以上の整数である]を挙げることができる。好ましいリンカーペプチドの長さは抗原となる受容体によって異なるが、一本鎖Fvにおいては通常1～20アミノ酸であるのが好ましい。2つ以上のH鎖V領域及び2つ以上のL鎖V領域を含む一本鎖変形抗体においては、[H鎖V領域] - [L鎖V領域]（又は[L鎖V領域] - [H鎖V領域]）からなる同一の抗原結合部位を形成するもの同士を連結するためのペプチドリンカーの長さは1～30アミノ酸、好ましくは1～20アミノ酸、さらに好ましくは3～18アミノ酸である。また、[H鎖V領域] - [L鎖V領域]（又は[L鎖V領域] - [H鎖V領域]）からなる同一の抗原結合

部位を形成しないもの同士を連結するためのペプチドリンカーの長さは1～40アミノ酸、好ましくは3～30アミノ酸、さらに好ましくは5～20アミノ酸である。これらのリンカーを導入する方法は本発明の改変抗体をコードするDNAの構築方法の説明において述べる。

5 本発明における化学合成物リンカー（化学架橋剤）は、ペプチドの架橋に通常用いられている架橋剤、例えばN-ヒドロキシスクシニミド（NHS）ジスクシンイミジルスペレート（DSS）、ビス（スルホスクシンイミジル）スペレート（BS³）、ジチオビス（スクシンイミジルプロピオネート）（DSP）、ジチオビス（スルホスクシンイミジルプロピオネート）（DTSSP）、エチレングリコールビス（スクシンイミジルスクシネート）（EGS）、エチレングリコールビス（スルホスクシンイミジルスクシネート）（スルホ-EGS）、ジスクシンイミジル酒石酸塩（DST）、ジスルホスクシンイミジル酒石酸塩（スルホ-DST）、ビス〔2-（スクシンイミドオキシカルボニルオキシ）エチル〕スルホン（BSOCOES）、ビス〔2-（スルホスクシンイミドオキシカルボニルオキシ）エチル〕スルホン（スルホ-BSOCOES）などであり、これらの架橋剤は市販されている。また、化学合成物リンカーの長さは、上述のペプチドリンカーの長さに相当する長さであるのが好ましい。

特に、一本鎖Fvのダイマーを形成させる場合、宿主細胞で產生された一本鎖モノマーを培地等の溶液中で、20%以上、好ましくは50%以上、さらに好ましくは80%以上、最も好ましくは90%以上ダイマー化するのに適したリンカーを選択することが好ましく、具体的には2～12アミノ酸、より好ましくは3～10アミノ酸、またはこれに相当する他のリンカーが好ましい。

改変抗体の製造

改変抗体は、TPOレセプターに特異的に結合する既知または新規な抗体由来のH鎖V領域とL鎖V領域とを前述のリンカーを介して連結することにより得られる。一本鎖Fvの例として、WO 99/10494に記載される12B5抗体、12E10抗体に由来するH鎖V領域とL鎖V領域を有するものが挙げられる。2つのH鎖V領域及び2つのL鎖V領域を含む本発明の改変抗体の例としては、

前記モノクローナル抗体由来のH鎖V領域とL鎖V領域を有するs c 1 2 B 5 (リンカー: 15アミノ酸)、s c 1 2 E 1 0 (リンカー: 15アミノ酸)、d b 1 2 B 5 ダイマー (リンカー: 5アミノ酸)、d b 1 2 E 1 0 ダイマー (リンカー: 5アミノ酸) が挙げられる。

5 本発明の改変抗体を作製するためには、該ポリペプチドが分泌性であることを所望する場合は、そのN-末端にシグナルペプチドを付加することができる。また、該ポリペプチドの効率的精製等のために、ポリペプチド精製において有用である公知の配列、例えばF L A G配列などを挿入することができる。この場合、抗F L A G抗体を用いてダイマー形成させることもできる。

10 本発明の改変を作製するためには、これをコードするDNA、即ち一本鎖F v をコードするDNA又は再構成一本鎖ポリペプチドをコードするDNAを得る必要がある。これらのDNAは、例えばs c 1 2 B 5、d b 1 2 B 5、s c 1 2 E 1 0 及び/又はd b 1 2 E 1 0 の場合には前記F v 由来のH鎖V領域及びL鎖V領域をコードするDNAを用いて、又はこれらのDNAを鑄型とし、その配列内の所望のアミノ酸配列をコードするDNA部分を、その両端を規定するプライマ 15 ー対を用いるポリメラーゼ連鎖反応 (P C R) 法により増幅することにより得ることができる。

各V領域について、アミノ酸配列の一部改変を所望する場合には、P C R法を用いる公知の方法によって1又は数個のアミノ酸が改変された、即ち1もしくは数個のアミノ酸が欠失、置換もしくは付加されたアミノ酸配列を有するV領域を得ることができる。特定の抗原に対して十分に活性がある改変抗体を作製するために、P C R法を用いる公知の方法によって前記V領域のアミノ酸配列の一部を改変することが望ましい。

20 P C Rに用いるプライマーを決定するにあたり、モノクローナル抗体から出発する場合は、当該技術分野において知られた方法を用いて当該抗体由来のH鎖及びL鎖のタイピングをして両鎖の型を決定する。

次に、P C R法を用いて1 2 B 5 抗体及び1 2 E 1 0 抗体のL鎖V領域を増幅するため、5'ー末端オリゴヌクレオチドプライマー及び3'ー末端オリゴヌクレ

オチドプライマーを上述のように決定する。同様にして、12B5抗体及び12E10抗体のH鎖V領域の増幅のため、それぞれ5'ー末端プライマー及び3'ー末端プライマーを決定する。

その例として本発明においては、5'ー末端プライマーはその5'ー末端近傍に制限酵素HinfI切断部位を提供する配列GANTCを含有し、そして3'ー末端プライマーはその5'ー末端近傍に制限酵素XmaI切断部位を提供するヌクレオチド配列CCCCGGGを含有するものを使用している。これらの制限酵素切断部位は可変領域をコードする目的のDNA断片をクローニングベクターにサブクローニングするために用いられる限り、他の制限酵素切断部位でもよい。

特に設計されたPCRプライマーを用いて、12B5抗体、12E10抗体の各V領域をコードするcDNAをそれらの5'ー及び3'ー末端において適当な塩基配列を導入して、それらが発現ベクターに容易に挿入されるように、且つそれらが該発現ベクター内で適切に機能するようにした（例えば、本発明ではKozak配列の導入により翻訳効率を上げるように工夫されている）。次に、これらのプライマーを用いてPCRにより増幅して得た12B5抗体、12E10抗体の各V領域を、所望のヒトC領域をすでに含有するHEF発現ベクター（WO 92-19759参照）に挿入した。クローニングされたDNAの配列決定は任意の常法、例えば、自動DNAシークエンサー（Applied Biosystems社製）を用いて行うことができる。

本発明の改変抗体において、リンカー、例えばペプチドリンカーは次のように導入することができる。即ち、上述のH鎖V領域及びL鎖V領域のためのプライマーと一部相補的な配列を有し、且つ該リンカーのNー末端またはCー末端をコードするようにプライマーを設計し、これを用いてPCRを行うことによって所望のアミノ酸配列および長さを有するペプチドリンカーをコードするDNAを作成することができる。そして、該DNAを介してH鎖V領域及びL鎖V領域をコードするDNAを連結すれば、所望のペプチドリンカーを有する本発明の改変抗体をコードするDNAを得ることができる。さらに、1つの改変抗体をコードするDNAを得ることができれば、前記DNAを鋳型にして、そして種々のリンカ

一用のプライマーを設計し、これを用いてPCRを実施すれば、所望のペプチドリンカーを有する改変抗体又はリンカーを有さない改変抗体をコードするDNAは容易に得ることができる。

また、本発明における改変抗体の各鎖V領域は、従来の技術（例えば、Sato, K. 5 ら、Cancer Res., 53, 1-6 (1993)を参照のこと）を用いることによって、ヒト型化することが可能であり、また一旦ヒト型化された各鎖V領域をコードするDNAが作製されれば、ヒト型化一本鎖Fv、ヒト型化一本鎖Fv断片、ヒト型化モノクローナル抗体あるいはヒト型化モノクローナル抗体断片は、常法に従って容易に作出する事が可能である。さらに、必要な場合、これらのV領域のアミノ酸 10 配列の一部を改変することも可能である。

さらに、遺伝子工学における慣用技術を用いて上述のマウス由来のH鎖V領域及びL鎖V領域をコードするDNAと同様に、これらに相当する他の哺乳動物由来のDNA、例えばヒト抗体由来の各鎖V領域をコードするDNAを得ることができる。得られたDNAを用いて、他の哺乳動物、特にヒト抗体由来のH鎖V領域 15 及びL鎖V領域、ヒト由来の一本鎖Fv及びその断片、並びにヒト由来のモノクローナル抗体及びその断片を得ることができる。

本発明の改変抗体が、二重特異性 (bi-specific) 改変抗体である場合、公知の方法（例えば、W09413804号公報に記載の方法）により作製することができる。

以上のように、目的とする改変抗体の各鎖V領域、ヒト型化改変抗体の各鎖V領域をコードするDNAが作製されれば、それらを含有する発現ベクター、及び該発現ベクターにより形質転換された宿主を常法に従って得ることができる。また、常法に従って宿主を培養し、產生した再構成一本鎖Fv、再構成ヒト型化一本鎖Fv、ヒト型化モノクローナル抗体及びヒト型化モノクローナル抗体断片は、細胞内又は細胞外から分離し均一にまで精製することができる。この場合、通常の蛋白質で用いられる分離・精製方法、例えば各種クロマトグラフィー、限外濾過、塩析、透析等を適宜選択、組合せて、本発明の改変抗体を分離・精製することができるが、これらに限定されるものではない。

再構成一本鎖Fvを動物細胞、例えば、COS7細胞、CHO細胞などの動物

培養細胞、好ましくはCHO細胞で產生する場合、無血清培地で該再構成一本鎖Fvを產生させると、培地中で形成した該一本鎖Fvのダイマーを安定的に高收率で回収・精製することができる。さらに、このようにして精製された該ダイマーは、長期間、安定してダイマーの状態で保存することができる。この場合に用いることができる無血清培地は、通常組み換えタンパク質の產生に用いられている培地であればいかなるものでもよく、特に限定されるものではない。

本発明の改変抗体の製造のために任意の発現系、例えば真核細胞、例えば動物細胞、例えば樹立された哺乳類細胞系、真糸状菌細胞、及び酵母細胞、並びに原核細胞、例えば細菌細胞、例えば大腸菌細胞等を使用することができる。好ましくは、本発明の改変抗体は哺乳類細胞、例えばCOS7細胞又はCHO細胞中で発現される。

これらの場合、哺乳類細胞での発現のために有用な常用のプロモーターを用いることができる。例えば、ヒト・サイトメガロウイルス (Human cytomegalovirus : HCMV) 前期 (immediate early) プロモーターを使用するのが好ましい。HCMVプロモーターを含有する発現ベクターの例には、HCMV-VH-HC_Y1、HCMV-VL-HCK等であって、PSV2neoに由来するプラスミドベクター（国際公開公報WO 92/19759参照）が含まれる。

また、その他に、本発明のために用いることのできる哺乳動物細胞における遺伝子発現のプロモーターとしてはレトロウイルス、ポリオーマウイルス、アデノウイルス、シミアンウイルス40 (SV40) などのウイルスプロモーターやヒト・ポリペプチドチェーン・エロングーション・ファクター1a (HEF-1a) などの哺乳動物細胞由来のプロモーターを用いればよい。例えばSV40のプロモーターを使用する場合は、Mulligan, R. C. らの方法 (Nature, 277, 108-114, (1979))、また、HEF-1aプロモーターを使用する場合は、Mizushima, S. らの方法 (Nucleic Acids Research, 18, 5322, (1990)) に従えば容易に実施することができる。

複製起原 (ori) としては、SV40、ポリオーマウイルス、アデノウイルス、牛パピローマウイルス (BPV) 等の由来の ori を用いることができ、さ

らに発現ベクターは選択マーカーとして、ホスホトランスフェラーゼ A P H (3') II あるいは I (n e o) 遺伝子、チミジンキナーゼ (T K) 遺伝子、大腸菌キサンチングアミニホスホリボシルトランスフェラーゼ (E c o g p t) 遺伝子、ジヒドロ葉酸還元酵素 (D H F R) 遺伝子等を含むことができる。

5 上述のように作成した改変抗体の抗原結合活性は、ラジオイムノアッセイ (R I A)、酵素標識固相免疫測定法 (E L I S A) または表面プラズモン共鳴等の既知の方法で測定することができる。また、元のモノクローナル抗体の結合阻害能を指標にして、具体的には該モノクローナル抗体のその抗原への濃度依存的阻害作用の有無を指標にして評価することができる。

10 詳細には、本発明の改変抗体をコードするD N Aを包含する発現ベクターで形質転換した動物細胞、例えばC O S 7 細胞又はC H O 細胞を培養し、前記培養した細胞及び／又はその培養上清、又はこれらから精製した改変抗体を用いて抗原への結合を測定する。対照として発現ベクターのみで形質転換した細胞の培養上清などを用いる。抗原、例えば1 2 B 5 抗体、1 2 E 1 0 抗体の場合にはヒトM P Lを強制発現させたB a / F 3 細胞に、本発明の改変抗体などの試験試料又は対照の培養上清を加え、例えばフローサイトメトリーを実施して抗原結合活性を評価する。

20 in vitro でのシグナル伝達誘起作用 (例えば、巨核球の増殖、分化誘導または成長の刺激、血小板の産生、T P O レセプタタンパク質のリン酸化等) は、抗原を発現する細胞又は該抗原遺伝子を導入した細胞に、前述の改変抗体の試験試料を添加し、当該細胞においてシグナル伝達による変化 (例えば、ヒトM P L抗原特異的な増殖、タンパク質のリン酸化の測定、または血小板特異的な抗原の発現等) を既知の測定方法で評価することができる。

25 In Vivo での評価試験は例えばマウスにMPLを認識するモノクローナル抗体、本発明の改変抗体、対照としてPBS等を投与する。そして、マウス血清中の血小板量の変化で活性の強さを評価する。

上述のように、T O P レセプターに特異的に結合する、H鎖V領域を2つ以上及びL鎖V領域を2つ以上含む改変抗体を作製し、例えば上記の In vitro または

In vivo での評価試験により本発明の改変抗体をスクリーニングすることによつて、本発明の改変抗体を取得することができる。

本発明の改変抗体は、2つ以上のH鎖V領域及び2つ以上のL鎖V領域、好ましくは各々2～4、特に好ましくは各々2つ含むものであり、1つのH鎖V領域及び1つのL鎖V領域を含む一本鎖Fvのダイマー、又は2つ以上のH鎖V領域及び2つ以上のL鎖V領域を連結した一本鎖ポリペプチドである。このような構成をとることで、もとのモノクローナル抗体の抗原結合部位の立体構造を模倣して、優れた抗原結合性を保持するものと考えられる。

本発明の改変抗体は、親抗体分子（例えばIgG）と比較して顕著な低分子化が達成されているため、組織、腫瘍への移行性に優れしており、さらに親抗体分子よりも高い活性を有する。このため、本発明の改変抗体を用いることにより、TPOのシグナルを細胞内に効率よく伝達することができる。故に、これを含有する医薬製剤は、血小板減少が関与する血液疾患、癌や白血病等の化学治療後の血小板減少症などの治療薬としての利用が期待される。また、RI標識による造影剤としての利用も期待され、RI化合物やトキシン等の他の化合物と結合させることにより、効力を増強させることも可能である。

発明を実施するための最良の形態

次に、本発明を下記の実施例により具体的に説明するが、これにより本発明の範囲が限定されるものではない。

本発明の改変抗体の製造方法を、下記の一本鎖Fvの作製を例にして説明する。本発明の改変抗体の製造方法において用いる、ヒトIAPに対するマウスMAB L-1、MAB L-2抗体を產生するハイブリドーマ、MAB L-1及びMAB L-2は、公的微生物寄託機関である通商産業省工業技術院生命工学工業技術研究所（茨城県つくば市東一丁目1番3号）に、1997年9月11日に、受託番号それぞれFERM BP-6100、FERM BP-6101として国際寄託されている。

実施例

実施例1 (ヒトIAPに対するマウスモノクローナル抗体のV領域をコードするDNAのクローニング)

ヒトIAPに対するマウスモノクローナル抗体MABL-1及びMABL-2の可変領域をコードするDNAを次のようにしてクローニングした。

5 1. 1 メッセンジャーRNA (mRNA) の調製

ハイブリドーマMABL-1及びMABL-2からのmRNAを、mRNA Purification Kit (Pharmacia Biotech社製) を用いて調製した。

1. 2 二本鎖cDNAの合成

約1μgのmRNAよりMarathon cDNA Amplification Kit (CLONTECH社製) を用いて二本鎖cDNAを合成し、アダプターを連結した。

1. 3 抗体可変領域をコードする遺伝子のPCR法による增幅

Thermal Cycler (PERKIN ELMER社製) を用いてPCR法を行った。

(1) MABL-1 L鎖V領域をコードする遺伝子の增幅

PCR法に使用するプライマーは、アダプターの部分配列とハイブリダイズする配列番号：1に示すアダプタープライマー1 (CLONTECH社製)、及びマウスカッパ型L鎖C領域配列とハイブリダイズする配列番号：2に示すMKC (Mouse Kappa Constant) プライマー (Bio/Technology, 9, 88-89, 1991) を用いた。

PCR溶液50μlは、5μlの10×PCR Buffer II、2mM MgCl₂、0.16mM dNTPs (dATP, dGTP, dCTP, dTTP)、2.5ユニットのDNAポリメラーゼAmpliTaq Gold (以上PERKIN ELMER社製)、0.2μMの配列番号：1に示すアダプタープライマーと0.2μMの配列番号：2に示すMKCプライマー及びMABL-1由来の二本鎖cDNA 0.1μgを含有し、94℃の初期温度にて9分間そして次に94℃にて1分間、60℃にて1分間及び72℃にて1分20秒間、この順序で加熱した。この温度サイクルを35回反復した後、反応混合物を更に72℃で10分間加熱した。

(2) MABL-1 H鎖V領域をコードするcDNAの增幅

PCRのためのプライマーとして配列番号：1に示すアダプタープライマー1、及び配列番号：3に示すMHC-γ1 (Mouse Heavy Constant) プライマー

(Bio/Technology, 9, 88-89, 1991) を用いた。

c DNAの増幅は、0.2 μMのMKCプライマーの代わりに0.2 μMのMHC-γ1プライマーを用いて増幅した点を除いて、前記1. 3 (1)においてL鎖V領域遺伝子の増幅について記載したのと同じ方法により行った。

5 (3) MABL-2 L鎖V領域をコードするc DNAの増幅

PCRのためのプライマーとして配列番号：1に示すアダプタープライマー1、及び配列番号：2に示すMKCプライマーを用いた。

c DNAの増幅は、MABL-1由来の二本鎖c DNA 0.1 μgの代わりにMABL-2由来の二本鎖c DNA 0.1 μgを用いて増幅した点を除いて、前記1. 3 (1)においてMABL-1 L鎖V領域遺伝子の増幅について記載したのと同じ方法により行った。

(4) MABL-2 H鎖V領域をコードするc DNAの増幅

PCRのためのプライマーとして配列番号：1に示すアダプタープライマー1、及び配列番号：4に示すMHC-γ2aプライマー (Bio/Technology, 9, 88-89, 1991) を用いた。

c DNAの増幅は、0.2 μMのMKCプライマーの代わりに0.2 μMのMHC-γ2aプライマーを用いて増幅した点を除いて、前記1. 3 (3)においてL鎖V領域遺伝子の増幅について記載したのと同じ方法により行った。

1. 4 PCR生成物の精製

20 前記のようにしてPCR法により増幅したDNA断片をQIAquick PCR Purification Kit (QIAGEN社製) を用いて精製し、1 mM EDTAを含有する10 mM Tris-HCl (pH 8.0) に溶解した。

1. 5 連結及び形質転換

25 上記のようにして調製したMABL-1由来マウスカッパ型L鎖V領域をコードする遺伝子を含んで成るDNA断片約140 ngをpGEM-T Easyベクター (Promega社製) 50 ngと、30 mM Tris-HCl (pH 7.8)、10 mM MgCl₂、10 mM ジチオスレイトール、1 mM ATP及び3ユニット T4 DNAリガーゼ (Promega社製) を含有する反応混合液中で、1

5 °Cにて3時間反応させ連結した。

次に、1 μ lの上記連結混合液を大腸菌DH5 α のコンピテント細胞（東洋紡社製）50 μ lに加え、そしてこの細胞を氷上で30分間、42 °Cにて1分間そして再び氷上で2分間静置した。次いで100 μ lのSOC培地（GIBCO BRL社製）を

5 加え、100 μ g/m¹のアンピシリン（SIGMA社製）を含有するLB

（Molecular Cloning : A Laboratory Manual, Sambrookら、Cold Spring Harbor Laboratory Press, 1989）寒天培地上にこの大腸菌を塗布し、37 °Cにて終夜培養して大腸菌形質転換体を得た。

この形質転換体を、50 μ g/m¹のアンピシリンを含有するLB培地3m¹中10 で37 °Cにて終夜培養し、そしてこの培養物からQIAprep Spin Miniprep Kit（QIAGEN社製）を用いてプラスミドDNAを調製した。

こうして得られた、ハイブリドーマMABL-1に由来するマウスカッパ型L鎖V領域をコードする遺伝子を含有するプラスミドをpGEM-M1Lと命名した。

15 上記の同じ方法に従って、ハイブリドーマMABL-1に由来するマウスH鎖V領域をコードする遺伝子を含有するプラスミドを精製DNA断片から作製し、pGEM-M1Hと命名した。

また、ハイブリドーマMABL-2に由来するマウスカッパ型L鎖V領域をコードする遺伝子を含有するプラスミドを精製DNA断片から作製し、pGEM-20 M2Lと命名した。

また、ハイブリドーマMABL-2に由来するマウスH鎖V領域をコードする遺伝子を含有するプラスミドを精製DNA断片から作製し、pGEM-M2Hと命名した。

実施例2 (DNAの塩基配列の決定)

25 前記のプラスミド中のcDNAコード領域の塩基配列の決定は、自動DNAシーケンサー（Applied Biosystem社製）及びABI PRISM Dye Terminator Cycle Sequencing Ready Reaction Kit（Applied Biosystem社製）を用いて、メーカー指定のプロトコールに従って行った。

プラスミド p G E M-M 1 L に含まれるマウス M A B L-1 抗体の L鎖 V 領域をコードする遺伝子の塩基配列を配列番号：5 に示す。

また、プラスミド p G E M-M 1 H に含まれるマウス M A B L-1 抗体の H鎖 V 領域をコードする遺伝子の塩基配列を配列番号：6 に示す。

5 また、プラスミド p G E M-M 2 L に含まれるマウス M A B L-2 抗体の L鎖 V 領域をコードする遺伝子の塩基配列を配列番号：7 に示す。

また、プラスミド p G E M-M 2 H に含まれるマウス M A B L-2 抗体の H鎖 V 領域をコードする遺伝子の塩基配列を配列番号：8 に示す。

実施例 3 (CDR の決定)

10 L鎖及びH鎖の V 領域の全般的構造は、互いに類似性を有しており、それぞれ 4 つのフレームワーク部分が 3 つの超可変領域、即ち相補性決定領域 (CDR) により連結されている。フレームワークのアミノ酸配列は、比較的良好く保存されているが、一方、CDR 領域のアミノ酸配列の変異性は極めて高い (Kabat, E. A. ら、「Sequences of Proteins of Immunological Interest」 US Dept. Health 15 and Human Services, 1983)。

このような事実に基づき、ヒト I A P に対するマウスモノクローナル抗体の可変領域のアミノ酸配列を Kabat らにより作製された抗体のアミノ酸配列のデータベースにあてはめ、相同性を調べることにより CDR 領域を表 1 に示す如く決定した。

20

表 1

プラスミド	配列番号	CDR(1)	CDR(2)	CDR(3)
p G E M-M 1 L	5	4 3 - 5 8	7 4 - 8 0	1 1 3 - 1 2 1
p G E M-M 1 H	6	5 0 - 5 4	6 9 - 8 5	1 1 8 - 1 2 5
25 p G E M-M 2 L	7	4 3 - 5 8	7 4 - 8 0	1 1 3 - 1 2 1
p G E M-M 2 H	8	5 0 - 5 4	6 9 - 8 5	1 1 8 - 1 2 5

実施例 4 (クローン化 c DNA の発現の確認 (キメラ M A B L-1 抗体及びキ

メラM A B L - 2 抗体の作製))

4. 1 キメラM A B L - 1 抗体発現ベクターの作製

キメラM A B L - 1 抗体を発現するベクターを作製するため、それぞれマウス
M A B L - 1 L鎖及びH鎖V領域をコードするc D N A クローンp G E M - M 1
5 L及びp G E M - M 1 HをP C R法により修飾した。そしてH E F発現ベクター
(国際公開公報W O 9 2 / 1 9 7 5 9 参照)に導入した。

L鎖V領域のための前方プライマーM L S (配列番号: 9) 及びH鎖V領域の
ための前方プライマーM H S (配列番号: 1 0) は、各々のV領域のリーダー配
列の最初をコードするD N Aにハイブリダイズし且つK o z a k コンセンサス配
10 列 (J. mol. Biol., 196, 947-950, 1987) 及びH i n d III 制限酵素部位を有
するように設計した。L鎖V領域のための後方プライマーM L A S (配列番号:
11) 及びH鎖V領域のための後方プライマーM H A S (配列番号: 1 2) は、
J領域の末端をコードするD N A配列にハイブリダイズし且つスプライスドナー
配列及びB a m H I 制限酵素部位を有するように設計した。

15 P C R溶液1 0 0 μ lは、1 0 μ lの1 0 \times P C R Buffer II、2 mM M g C
l₂、0. 1 6 mM d N T P s (d A T P、d G T P、d C T P、d T T P)、5
ユニットのD N AポリメラーゼA m p l i T a q Gold、0. 4 μ Mずつの各プライマー、
及び8 n g の鑄型D N A (p G E M - M 1 L及びp G E M - M 1 H)を含有し、
9 4 °Cの初期温度にて9分間そして次に9 4 °Cにて1分間、6 0 °Cにて1分間及
び7 2 °Cにて1分20秒間、この順序で加熱した。この温度サイクルを3 5回反
20 変した後、反応混合物を更に7 2 °Cで1 0分間加熱した。

P C R生成物をQIAquick P C R Purification Kit (QIAGEN社製)を用いて精製
し、H i n d III 及びB a m H Iで消化し、そしてL鎖V領域については、H E
F発現ベクターH E F - κ に、H鎖V領域についてはH E F発現ベクターH E F
25 - γ にそれぞれクローニングした。D N A配列決定の後、正しいD N A配列を有
するD N A断片を含むプラスミドをそれぞれH E F - M 1 L、H E F - M 1 Hと
命名した。

4. 2 キメラM A B L - 2 抗体発現ベクターの作製

cDNAの修飾及びクローニングは、pGEM-M1L及びpGEM-M1Hの代わりにpGEM-M2L及びpGEM-M2Hを鑄型DNAに増幅した点を除いて、前記4.1において記載したのと同じ方法により増幅及びクローニングを行い、DNA配列決定の後、正しいDNA配列を有するDNA断片を含むプラスミドをそれぞれHEF-M2L、HEF-M2Hと命名した。

4.3 COS7細胞への遺伝子導入

キメラMABL-1抗体及びキメラMABL-2抗体の一過性発現を観察するため、前記発現ベクターをCOS7細胞において試験した。

(1) キメラMABL-1抗体の遺伝子導入

HEF-M1LとHEF-M1Hベクターを、Gene Pulser装置(BioRad社製)を用いてエレクトロポレーションによりCOS7細胞に同時形質転換した。各DNA(10μg)と、PBS中1×10⁷細胞/m1の0.8m1をキュベットに加え、1.5kV、25μFの容量にてパルスを与えた。

室温にて10分間の回復期間の後、エレクトロポレーション処理された細胞を、10%のγ-グロブリンフリーウシ胎児血清を含有するDMEM培養液(GIBCO BRL社製)に加えた。72時間培養の後、培養上清を集め、遠心分離により細胞破片を除去して回収培養上清を得た。

(2) キメラMABL-2抗体の遺伝子導入

キメラMABL-2抗体遺伝子の導入は、HEF-M1LとHEF-M1Hベクターの代わりにHEF-M2LとHEF-M2Hベクターを用いた点を除いて、前記4.3(1)に記載したのと同じ方法によりCOS7細胞に同時形質転換し、回収培養上清を得た。

4.4 フローサイトメトリー

抗原への結合を測定するため、前記COS7細胞培養上清を用いてフローサイトメトリーを行った。ヒトIAPを発現するマウス白血病細胞株L1210細胞4×10⁵個に、キメラMABL-1抗体を発現させたCOS7細胞の培養上清あるいはキメラMABL-2抗体を発現させたCOS7細胞の培養上清あるいはコントロールとしてヒトIgG1抗体(SIGMA社製)を加え、氷上にてインキュベ

ーション及び洗浄の後、F I T C標識した抗ヒトIgG抗体（Cappel社製）を加えた。インキュベーション及び洗浄の後、F A C S c a n装置（BECTON DICKINSON社製）にて蛍光強度を測定した。

その結果、キメラM A B L-1抗体及びキメラM A B L-2抗体は、ヒトI A Pを発現するL 1 2 1 0細胞に特異的に結合したことにより、これらのキメラ抗体がマウスモノクローナル抗体M A B L-1及びM A B L-2のそれぞれのV領域の正しい構造を有することが明らかとなった（図1～3）。

実施例5（再構成M A B L-1抗体及び再構成M A B L-2抗体一本鎖F v（s c F v）領域の作製）

10 5. 1 再構成M A B L-1抗体一本鎖F vの作製

再構成M A B L-1抗体一本鎖F vを次の様にして作製した。再構成M A B L-1抗体H鎖V領域、リンカー領域、及び再構成M A B L-1抗体L鎖V領域をそれぞれP C R法を用いて増幅し、連結することにより、再構成M A B L-1抗体一本鎖F vを作製した。この方法を図4に模式的に示す。再構成M A B L-1抗体一本鎖F vの作製のために6個のP C Rプライマー（A～F）を使用した。プライマーA、C及びEはセンス配列を有し、プライマーB、D及びFはアンチセンス配列を有する。

20 H鎖V領域のための前方プライマーV H S（プライマーA、配列番号：13）は、H鎖V領域のN末端をコードするDNAにハイブリダイズし且つN c o I制限酵素認識部位を有するように設計した。H鎖V領域のための後方プライマーV H A S（プライマーB、配列番号：14）は、H鎖V領域のC末端をコードするDNAにハイブリダイズし且つリンカーとオーバーラップするように設計した。

25 リンカーのための前方プライマーL S（プライマーC、配列番号：15）は、リンカーのN末端をコードするDNAにハイブリダイズし且つH鎖V領域のC末端をコードするDNAとオーバーラップするように設計した。リンカーのための後方プライマーL A S（プライマーD、配列番号：16）は、リンカーのC末端をコードするDNAにハイブリダイズし且つL鎖V領域のN末端をコードするDNAとオーバーラップするように設計した。

L鎖V領域のための前方プライマーVLS (プライマーE、配列番号：17) は、リンカーのC末端をコードするDNAにハイブリダイズし且つL鎖V領域のN末端をコードするDNAにオーバーラップするように設計した。L鎖V領域のための後方プライマーVLAS-FLAG (プライマーF、配列番号：18) は、
5 L鎖V領域のC末端をコードするDNAにハイブリダイズし且つFLAGペプチドをコードする配列 (Hopp, T. P. ら、Bio/Technology, 6, 1204-1210, 1988)、2個の転写停止コドン及びEcoRI制限酵素認識部位を有するように設計した。

第一PCR段階において3つの反応A-B、C-D及びE-Fを行い、そして各PCR生成物を精製した。第一PCRから得られた3つのPCR生成物をそれ
10 ら自体の相補性によりアッセンブルさせた。次に、プライマーA及びFを加えて、再構成MABL-1抗体一本鎖Fvをコードする全長DNAを増幅した (第二P
CR)。なお、第一PCRにおいては、再構成MABL-1抗体H鎖V領域をコードするプラスミドpGEM-M1H (実施例2を参照)、Gly Gly Gly
15 Gly Ser Gly Gly Gly Ser Gly Gly
Gly Gly Ser (配列番号：19) からなるリンカー領域をコードするDNA配列 (Huston, J. S. ら、Proc. Natl. Acad. Sci. USA, 85, 5879-5883,
1988) を含んで成るプラスミドpSC-DP1、及び再構成MABL-1抗体L
鎖V領域をコードするプラスミドpGEM-M1L (実施例2を参照) をそれぞれ
これ鑄型として用いた。

20 第一PCR段階の溶液50μlは、5μlの10×PCR Buffer II、2mM
MgCl₂、0.16mM dNTPs、2.5ユニットのDNAポリメラーゼ
AmpliTaq Gold (以上PERKIN ELMER社製)、0.4μMずつの各プライマー及び5n
gの各鑄型DNAを含有し、94℃の初期温度にて9分間そして次に94℃にて
1分間、65℃にて1分間及び72℃にて1分20秒間、この順序で加熱した。
25 この温度サイクルを35回反復した後、反応混合物を更に72℃で7分間加熱した。

PCR生成物A-B (371bp)、C-D (63bp)、及びE-F (384
bp)をQIAquick PCR Purification Kit (QIAGEN社製)を用いて精製し、第二

PCRでアッセンブルした。第二PCRにおいて、鑄型として120ngの第一PCR生成物A-B、20ngのPCR生成物C-D及び120ngのPCR生成物E-F、10μlの10×PCR Buffer II、2mM MgCl₂、0.16mM dNTPs、5ユニットのDNAポリメラーゼAmpliTaq Gold (以上PERKIN ELMER社製)を含有する98μlのPCR混合液を、94℃の初期温度にて8分間そして次に94℃にて2分間、65℃にて2分間及び72℃にて2分間、この順序で加熱した。この温度サイクルを2回反復した後、それぞれ0.4μMのプライマーA及びFを加えた。そして94℃の初期温度にて1分間そして次に94℃にて1分間、65℃にて1分間及び72℃にて1分20秒間、この順序で加熱し、この温度サイクルを35回反復した後、反応混合物を72℃にて7分間加熱した。

第二PCRにより生じた843bpのDNA断片を精製し、Nco I及びEco RIで消化し、得られたDNA断片をpSCFVT7ベクターにクローニングした。なお、本発現ベクターpSCFVT7は、大腸菌ペリプラズム分泌発現系に適するpET1Bシグナル配列 (Lei, S. P.ら、J. Bacteriology, 169, 4379-4383, 1987)を含んでいる。DNA配列決定の後、再構成MA BL-1抗体一本鎖Fvの正しいアミノ酸配列をコードするDNA断片を含むプラスミドをpscM1と命名した(図5を参照)。本プラスミドpscM1に含まれる再構成MA BL-1抗体一本鎖Fvの塩基配列及びアミノ酸配列を配列番号:20に示す。

次に、哺乳動物細胞にて再構成MA BL-1抗体一本鎖Fvを発現するベクターを作製するため、pscM1ベクターをPCR法により修飾した。そして得られたDNA断片をpCHO1発現ベクターに導入した。なお、本発現ベクターpCHO1は、DHFR-DE-rvH-PM1-f (WO 92/19759参照)から、Eco RI及びSma I消化により抗体遺伝子を削除し、Eco RI-NotI-BamHI Adaptor (宝酒造社製)を連結することにより構築したベクターである。

PCRに使用するプライマーは、前方プライマーとしてH鎖V領域のN末端をコードするDNAにハイブリダイズし且つSal I制限酵素認識部位を有する配列番号:21に示すSalI-VHSプライマー及び後方プライマーとして第一フ

レームワーク配列の最後をコードするDNAにハイブリダイズする配列番号：2
2に示すFRH1antibodyプライマーを用いた。

PCR溶液100μlは、10μlの10×PCR Buffer II、2mM MgCl₂、0.16mM dNTPs、5ユニットのDNAポリメラーゼAmpliTaq Gold、
5 0.4μMずつの各プライマー、及び8ngの鑄型DNA(pscM1)を含有し、95℃の初期温度にて9分間そして次に95℃にて1分間、60℃にて1分間及び72℃にて1分20秒間、この順序で加熱した。この温度サイクルを35回反復した後、反応混合物を更に72℃で7分間加熱した。

PCR生成物をQIAquick PCR Purification Kit (QIAGEN社製)を用いて精製し、Sal I及びMbo IIで消化し、N末端側再構成MABL-1抗体一本鎖FvをコードするDNA断片を得た。また、pscM1ベクターをMbo II及びEco RIで消化し、C末端側再構成MABL-1抗体一本鎖FvをコードするDNA断片を得た。そして、Sal I-Mbo II DNA断片及びMbo II-Eco RI DNA断片をpCHO1-IgSベクターにクローニングした。DNA配列決定の後、正しいDNA配列を有するDNA断片を含むプラスミドをpCHOM1と命名した(図6を参照)。なお、本発現ベクターpCHO1-IgSは、哺乳動物細胞分泌発現系に適するマウスIgG1シグナル配列(Nature, 332, 323-327, 1988)を含んでいる。本プラスミドpCHOM1に含まれる再構成MABL-1抗体一本鎖Fvの塩基配列及びアミノ酸配列を配列番号：23に示す。

20 5. 2 再構成MABL-2抗体一本鎖Fvの作製

再構成MABL-2抗体一本鎖Fvを前記5. 1に従って作製した。第一PCRにおいては、pGEM-M1Hの代わりに再構成MABL-2抗体H鎖V領域をコードするプラスミドpGEM-M2H(実施例2を参照)、及びpGEM-M1Lの代わりに再構成MABL-2抗体L鎖V領域をコードするプラスミドpGEM-M2L(実施例2を参照)を使用し、再構成MABL-2抗体一本鎖Fvの正しいアミノ酸配列をコードするDNA断片を含むプラスミドpscM2を得た。本プラスミドpscM2に含まれる再構成MABL-2抗体一本鎖Fvの塩基配列及びアミノ酸配列を配列番号：24に示す。

また、p s c M 2ベクターの修飾により再構成M A B L－2抗体一本鎖F vの正しいアミノ酸配列をコードするDNA断片を含む哺乳動物細胞発現用p C H O M 2ベクターを得た。本プラスミドp C H O M 2に含まれる再構成M A B L－2抗体一本鎖F vの塩基配列及びアミノ酸配列を配列番号：25に示す。

5 5. 3 C O S 7細胞への遺伝子導入

再構成M A B L－2抗体一本鎖F vの一過性発現を観察するため、p C H O M 2ベクターをC O S 7細胞において試験した。

10 p C H O M 2ベクターを、Gene Pulser装置（BioRad社製）を用いてエレクトロポレーションによりC O S 7細胞に形質転換した。DNA（10 μ g）と、P B S中 1×10^7 細胞/m lの0.8m lをキュベットに加え、1.5kV、25 μ Fの容量にてパルスを与えた。

室温にて10分間の回復期間の後、エレクトロポレーション処理された細胞を、10%のウシ胎児血清を含有するIMDM培養液（GIBCO BRL社製）に加えた。

15 72時間培養の後、培養上清を集め、遠心分離により細胞破片を除去して回収培養上清を得た。

5. 4 C O S 7細胞培養上清中の再構成M A B L－2抗体一本鎖F vの検出

p C H O M 2ベクターを遺伝子導入したC O S 7細胞培養上清中における再構成M A B L－2抗体一本鎖F vをウェスタンブロッティング法により確認した。

20 p C H O M 2ベクターを遺伝子導入したC O S 7細胞培養上清及びコントロールとしてp C H O 1ベクターを遺伝子導入したC O S 7細胞培養上清についてSDS電気泳動を行い、REINFORCED NC膜（Schleicher & Schuell社製）に転写した。5%スキムミルク（森永乳業社製）にてブロッキングを行い、0.05%T w e e n 20-PBSにて洗浄後、抗F L A G抗体（SIGMA社製）を加えた。室温にてインキュベーション及び洗浄の後、アルカリリフォスファターゼ結合抗マウスI g G抗体（Zymed社製）を加え、室温にてインキュベーション及び洗浄後、基質溶液（Kirkegaard Perry Laboratories社製）を添加し、発色させた（図7）。

その結果、p C H O M 2ベクター導入C O S 7細胞培養上清中にのみF L A G

ペプチド特異的なタンパク質が検出され、この培養上清中に再構成M A B L - 2 抗体一本鎖F vが分泌されていることが明らかとなった。

5. 5 フローサイトメトリー

抗原への結合を測定するため、前記C O S 7 細胞培養上清を用いてフローサイトメトリーを行った。ヒト Integrin Associated Protein (I A P) を発現するマウス白血病細胞株L 1 2 1 0 細胞、あるいはコントロールとしてp C O S 1 ベクターを形質転換したL 1 2 1 0 細胞 $2 \times 1 0^5$ 個に、再構成M A B L - 2 抗体一本鎖F vを発現させたC O S 7 細胞の培養上清あるいはコントロールとしてp C H O 1 ベクターを形質転換したC O S 7 細胞の培養上清を加え、氷上にてインキュベーション及び洗浄の後、マウス抗F L A G 抗体 (SIGMA 社製) を加えた。インキュベーション及び洗浄の後、F I T C 標識した抗マウスI g G 抗体 (BECTON DICKINSON 社製) を加えた。再度インキュベーション及び洗浄の後、F A C S c a n 装置 (BECTON DICKINSON 社製) にて蛍光強度を測定した。

その結果、再構成M A B L - 2 抗体一本鎖F vは、ヒトI A Pを発現するL 1 2 1 0 細胞に特異的に結合したことにより、この再構成M A B L - 2 抗体一本鎖F vがヒト Integrin Associated Protein に対するアフィニティーを有することが明らかとなった (図8～11)。

5. 6 Competitive ELISA

マウスモノクローナル抗体の抗原結合に対する阻害活性を指標に、再構成M A B L - 2 抗体一本鎖F vの抗原結合活性を測定した。

1 μ g / m l に調整した抗F L A G 抗体を9 6 ウェルプレートの各ウェルに加え、3 7 °Cにて2時間インキュベートした。洗浄後、1 % B S A - P B S にてブロッキングを行った。室温にてインキュベート及び洗浄後、分泌型ヒトI A P抗原遺伝子 (配列番号: 2 6) を導入したC O S 7 細胞培養上清をP B S にて2倍希釈したものを各ウェルに加えた。室温にてインキュベート及び洗浄後、1 0 0 n g / m l に調整したビオチン化M A B L - 2 抗体 5 0 μ l 及び順次希釈した再構成M A B L - 2 抗体一本鎖F v 発現C O S 7 細胞培養上清 5 0 μ l を混和したものを各ウェルに加えた。室温にてインキュベート及び洗浄後、アルカリリフォスファター

ゼ結合ストレプトアビジン (Zymed 社製) を加えた。室温にてインキュベート及び洗浄後、基質溶液 (SIGMA 社製) を加え、次に 405 nm での吸光度を測定した。

その結果、再構成 MABL-2 抗体一本鎖 Fv (MABL2-scFv) は、
5 コントロールの pCHO1 導入 COS7 細胞培養上清に比較して明らかに濃度依存的にマウス MABL-2 抗体のヒト IAP 抗原への結合を阻害した (図 12)。このことから、再構成 MABL-2 抗体一本鎖 Fv は、マウスモノクローナル抗体 MABL-2 のそれぞれの V 領域の正しい構造を有することが示唆された。

5. 7 in vitro でのアポトーシス誘起効果

10 ヒト IAP を遺伝子導入した L1210 細胞、及びコントロールとして pCOS1 ベクターを遺伝子導入した L1210 細胞、及び CCRF-CEM 細胞を用い、再構成 MABL-2 抗体一本鎖 Fv のアポトーシス誘起作用を Annexin-V (BOEHRINGER MANNHEIM 社製) 染色により検討した。

15 各細胞 1×10^5 個に、再構成 MABL-2 抗体一本鎖 Fv 発現 COS7 細胞培養上清あるいはコントロールとして pCHO1 ベクター導入 COS7 細胞培養上清を終濃度 50% で添加し、24 時間培養した。その後、Annexin-V 染色を行い、FACScan 装置 (BECTON DICKINSON 社製) にて蛍光強度を測定した。

20 Annexin-V 染色による解析の結果を図 13~18 にそれぞれ示した。ここで、図の左下の領域にあるドットは生細胞を、右下の領域はアポトーシス初期の細胞を、右上の領域はアポトーシス後期の細胞を示す。その結果、再構成 MABL-2 抗体一本鎖 Fv (MABL2-scFv) は L1210 細胞においてヒト IAP 抗原特異的に著しい細胞死を誘導した (図 13~16)。また、CCRF-CEM 細胞においてもコントロールに比較して著しい細胞死を誘導した (図 25 17~18)。

5. 8 CHO 細胞における MABL-2 抗体由来の一本鎖 Fv ポリペプチドの発現

MABL-2 抗体由来の一本鎖 Fv (ポリペプチド) の恒常的発現 CHO 細胞

株を樹立するため、pCHOM2ベクターをCHO細胞に遺伝子導入した。

pCHOM2ベクターを、Gene Pulser 装置 (BioRad 社製) を用いてエレクトロポレーションによりCHO細胞に形質転換した。DNA (10 μ g) とPBSに懸濁したCHO細胞 (1×10⁷細胞/m1) の0.7m1を混合したものをキュベットに加え、1.5kV、25 μ Fの容量にてパルスを与えた。室温にて10分間の回復期間の後、エレクトロポレーション処理された細胞を、10%のウシ胎児血清を含有する核酸不含α-MEM培地 (GIBCO BRL 社製) に加え培養した。得られたクローンについて、SDS-PAGEにて目的とするタンパク質の発現を確認し、発現量の高いクローンをMABL-2抗体由来の一本鎖Fvの産生細胞株として選択した。10nM methotrexate (SIGMA 社製) を含む無血清培地CHO-S-SFM II (GIBCO BRL 社製) にて培養後、培養上清を集め、遠心分離により細胞破片を除去して回収培養上清を得た。

5. 9 CHO細胞産生のMABL-2抗体由来の一本鎖Fvの精製

5. 8で得た一本鎖Fv発現CHO産生株の培養上清を人工透析用カートリッジ (PAN 130SF、旭メディカル) を用いて約20倍まで濃縮した。濃縮液は-20°Cで保存し、精製時解凍して用いた。

CHO細胞培養上清から一本鎖Fvの精製は、Blue-sepharose、ハイドロキシアパタイト及びゲル濾過の三種のクロマトグラフィーにより行った。

(1) Blue-sepharoseカラムクロマトグラフィー

培養上清の濃縮液を20mM酢酸緩衝液 (pH 6.0) にて10倍希釈し、遠心分離 (10000 rpm×30分) により不溶物を除去した。上清を同緩衝液で平衡化したBlue-sepharoseカラム (20m1) に添加し、同緩衝液でカラムを洗浄後、同緩衝液中NaCl濃度を0.1、0.2、0.3、0.5及び1.0Mまで段階的に上げ、カラムに吸着した蛋白質を溶出した。SDS-PAGEで素通り及び各溶出画分を分析し、一本鎖Fvが確認された画分 (0.1~0.3M NaCl溶出画分) をプールし、Centriprep-10 (アミコン) を用いて約20倍濃縮した。

(2) ハイドロキシアパタイト

(1)の濃縮液を10mMリン酸緩衝液 (pH 7.0) にて10倍希釈し、ハ

イドロキシアパタイトカラム (20 ml、BioRad) に添加した。60 ml の 10 mM リン酸緩衝液 (pH 7.0) でカラムを洗浄後、リン酸緩衝液濃度を 200 mM まで直線的に上げ、カラムに吸着した蛋白質を溶出した (図 19)。SDS-PAGE により各画分を分析した結果、画分 A 及び画分 B に一本鎖 Fv が確認された。

(3) ゲル濾過

(2) の画分 A 及び B をそれぞれ Centriprep-10 を用いて濃縮し、0.15 M NaCl を含む 20 mM 酢酸緩衝液 (pH 6.0) で平衡化した TSKgel G3000 SWG カラム (21.5 × 600 mm) に添加した。クロマトグラムを図 20 に示す。得られた画分を SDS-PAGE で分析した結果、いずれも主要ピーク (AI、BI) が目的の一本鎖 Fv であり、ゲル濾過で分析した結果、画分 A では見かけ上の分子量約 36 kDa、画分 B では同 76 kDa に溶出された。精製した一本鎖 Fv (AI、BI) を 15% - SDS-ポリアクリルアミドゲルを用いて分析した。サンプルを還元剤添加、非添加で処理し、Lane 1 の方法に準じて電気泳動を行い、泳動後蛋白質をクマシーブリリアントブルー染色した。図 21 に示すように、AI、BI いずれも還元剤の添加の有無に関わらず、見かけ上の分子量約 35 kDa に単一バンドを与えた。以上の結果から、AI は一本鎖 Fv のモノマーで、BI は一本鎖 Fv の非共有結合性ダイマーと考えられる。画分 AI 及び BI を TSKgel G3000 SW カラム (7.5 × 60 mm) を用いたゲル濾過により分析した結果、画分 AI はモノマーのピークのみ、画分 BI はダイマーのピークのみ検出された (図 22 を参照)。また、ダイマー画分 (画分 BI) は、全一本鎖 Fv の約 4% であった。該ダイマー画分中のダイマーは、その 90% 以上が 4°C で 1 ヶ月以上安定的に維持された。

5. 10 大腸菌細胞でのMABL-2抗体由来の一本鎖 Fv ポリペプチド発現ベクターの構築

MABL-2 抗体由来の一本鎖 Fv を大腸菌細胞内で効率的に発現するベクターを作製するため、pSCM2 ベクターを PCR 法により修飾した。得られた DNA 断片を pSCFV7 発現ベクターに導入した。

PCRに使用するプライマーは、前方プライマーとしてH鎖V領域のN末端をコードするDNAにハイブリダイズし且つ開始コドン及びNde I制限酵素認識部位を有する配列番号：27に示すNde - VHSm02プライマー及び後方プライマーとしてL鎖V領域のC末端をコードするDNAにハイブリダイズし且つ5個の停止コドン及びEcoRI制限酵素認識部位を有する配列番号：28に示すVLASプライマーを用いた。なお、前方プライマーのNde - VHSm02は大腸菌菌体内にて効率的に発現するため、H鎖V領域のN末端をコードするDNAにハイブリダイズする部分に5カ所の点変異を含んでいる。

PCR溶液100μlは、10μlの10×PCR Buffer #1、1mM MgCl₂、0.2mM dNTPs、5ユニットのKOD DNAポリメラーゼ（以上東洋紡社製）、1μMずつの各プライマー、及び100ngの錆型DNA（pSCM2）を含有し、98℃にて15秒間、65℃にて2秒間及び74℃にて30秒間、この順序で加熱した。この温度サイクルを25回反復した。

PCR生成物をQIAquick PCR Purification Kit (QIAGEN社製)を用いて精製し、Nde I及びEcoRIで消化し、得られたDNA断片をpSCFVT7ベクターにクローニングした。なお、本発現ベクターpSCFVT7はNde I及びEcoRIで消化したことによりpE1Bシグナル配列が削除されている。DNA配列決定の後、正しいDNA配列を有するDNA断片を含むプラスミドをpSCM2DEM02と命名した（図23を参照のこと）。本プラスミドpSCM2DEM02に含まれるMABL-2抗体由来の一本鎖Fvの塩基配列及びアミノ酸配列を配列番号：29に示す。

5. 1.1 大腸菌細胞におけるMABL-2抗体由来の一本鎖Fvポリペプチドの発現

MABL-2抗体由来の一本鎖Fvポリペプチドを発現する大腸菌株を得るため、pSCM2DEM02ベクターを大腸菌BL21 (DE3) pLysS (STRATAGENE社製)に形質転換した。得られたクローンについて、SDS-PAGEにて目的とするタンパク質の発現を検討し、発現量の高いクローンをMABL-2抗体由来の一本鎖Fvポリペプチドの產生株として選択した。

5. 12 大腸菌細胞產生のM A B L-2抗体由来の一本鎖Fvポリペプチドの精製

形質転換して得られた大腸菌のシングルコロニーをLB培地3mlにて28℃で7時間培養し、これを70mlのLB培地に植え継ぎ、28℃にて一夜培養を行った。このpre-cultureを7LのLB培地に植え継ぎ、ジャーファーメンターを用いて28℃、攪拌速度300rpmにて培養した。O.D. = 1.5のときに1mM IPTGで誘導をかけ、その後3時間培養を行った。

培養液を遠心分離 (10000×g、10分) し、沈殿として回収した菌体に5mM EDTA、0.1M NaCl、1% Triton X-100を含む50mM トリス塩酸緩衝液 (pH 8.0) を加え、超音波 (output: 4、duty cycle: 70%、1分×10回) により菌体を破碎した。この懸濁液を遠心分離 (12000×g、10分) にかけ、沈殿として回収した封入体に5mM EDTA、0.1M NaCl、4% Triton X-100を含む50mM トリス塩酸緩衝液 (pH 8.0) を加え、再度超音波処理 (output: 4、duty cycle: 50%、30秒×2) を行い、遠心分離 (12000×g、10分) により目的蛋白質を沈殿として回収し、上清にくる夾雜蛋白質を除去した。

目的蛋白質を含んだ封入体を6M Urea、5mM EDTA、0.1M NaClを含む50mM トリス塩酸緩衝液 (pH 8.0) に溶解し、4M Urea、5mM EDTA、0.1M NaCl、10mM メルカプトエタノールを含む50mM トリス塩酸緩衝液 (pH 8.0) で平衡化したSephadryl S-300 (5×90cm、AMERSHAM PHARMACIA社製) ゲル濾過カラムに、流速5ml/分で添加し、会合している高分子量の一本鎖Fvを除去した。各画分をSDS-PAGEで分析し、純度の高い画分について、O.D.₂₈₀ = 0.25になるようにゲル濾過で用いた溶媒で希釈後、5mM EDTA、0.1M NaCl、0.5M Arg、2mM 還元型グルタチオン、0.2mM 酸化型グルタチオンを含む50mM トリス塩酸緩衝液 (pH 8.0) に対して透析を3回行うことにより、巻き戻し操作を行った。さらに0.15M NaClを含む20mM 酢酸緩衝液 (pH 6.0) に対して3回透析し、溶媒交換を行った。

わずかに含まれる分子間で S-S 結合で架橋された高分子を分離除去するため、
0.15M NaCl を含む 20 mM 酢酸緩衝液 (pH 6.0) で平衡化した S u
p e r d e x 200 p g (2.6×60 cm、AMERSHAM PHARMACIA 社製) ゲル濾
過カラムに添加した。図 24 に示すように、高分子量の会合体と考えられるプロ
5 ラードなピークのあと、主要ピークとサブピークの 2 つのピークが検出された。S
DS-PAGE による分析 (図 21 参照) 及びゲル濾過の溶出位置から、主要ピ
ークは一本鎖 Fv ポリペプチドのモノマーであり、サブピークは非共有結合性の
ダイマーと考えられる。なお、形成された非共有結合性のダイマーは、全一本鎖
Fv ポリペプチドの約 4 % であった。

10 5. 13 MABL-2 抗体由来の精製一本鎖 Fv ポリペプチドの in vitro で
のアポトーシス誘起効果

ヒト IAP を遺伝子導入した L1210 細胞 (hIAP/L1210) を用い、
CHO 細胞及び大腸菌細胞産生の MABL-2 抗体由来の一本鎖 Fv ポリペプチ
ド (MABL2-scFv) のアポトーシス誘起作用を、次の 2 つのプロトコー
15 ルにて Annexin-V (BOEHRINGER MANNHEIM 社製) 染色により検討した。

第一のプロトコールは、hIAP/L1210 細胞 5×10^4 個に、抗体試料を
終濃度 $3 \mu\text{g}/\text{ml}$ で添加し、24 時間培養した。抗体試料として、実施例 5. 9
で得た CHO 細胞由来 MABL2 一本鎖 Fv のモノマー及びダイマー、さらに実
施例 5. 12 で得た大腸菌細胞由来の同モノマー及びダイマー、そしてコントロ
20 ルとしてマウス IgG 抗体について検討した。培養後、Annexin-V 染
色を行い、FACScan 装置 (BECTON DICKINSON 社製) にて蛍光強度を測定し
た。

また、第二のプロトコールは、hIAP/L1210 細胞 5×10^4 個に、抗体
試料を終濃度 $3 \mu\text{g}/\text{ml}$ で添加し、2 時間培養後に抗 FLAG 抗体 (SIGMA 社
25 製) を終濃度 $1.5 \mu\text{g}/\text{ml}$ で添加し、更に 22 時間培養した。抗体試料として、
5. 9 で得た CHO 細胞由来 MABL2 一本鎖 Fv のモノマー及びコントロール
としてマウス IgG 抗体について検討した。培養後、Annexin-V 染色を
行い、FACScan 装置にて蛍光強度を測定した。

Annexin-V染色による解析の結果を図25～31にそれぞれ示した。その結果、CHO細胞及び大腸菌細胞産生のMABL-2抗体由来一本鎖Fvポリペプチドのダイマーはコントロール（図25）と比較して著しい細胞死を誘導した（図26、27）が、CHO細胞及び大腸菌細胞産生の一本鎖Fvポリペプチドのモノマーのアポトーシス誘導作用は認められなかった（図28、29）。また、抗FLAG抗体の添加により、CHO細胞産生のMABL-2抗体由来一本鎖Fvポリペプチドのモノマーはコントロール（図30）と比較して著しい細胞死を誘導した（図31）。

5.14 scFv/CHOポリペプチドのモノマー及びダイマーのヒト骨髓腫マウスモデルに対する抗腫瘍効果

（1）マウス血清ヒトIgG定量法

マウス血清中における、ヒト骨髓腫細胞が産生するヒトIgG（Mタンパク質）の定量は、以下のELISAで行った。0.1%重炭酸緩衝液（pH 9.6）で1μg/mlに希釈したヤギ抗ヒトIgG抗体（BIOSOURCE社製、Lot # 7902）100μlを96ウェルプレート（Nunc社製）に加え、4°Cで一晩インキュベーションし、抗体を固相化した。ブロッキングの後、段階希釈したマウス血清あるいは標品としてヒトIgG（Cappel社製、Lot # 00915）100μlを添加し、室温にて2時間インキュベーションした。洗浄後、5000倍希釈したアルカリリフォスファターゼ標識抗ヒトIgG抗体（BIOSOURCE社製、Lot # 6202）100μlを加え、室温にて1時間インキュベーションした。洗浄後、基質溶液を加え、インキュベーションの後、MICROPLATE READER Model 3550（BioRad社製）を用いて405nmの吸光度を測定し、標品のヒトIgGの吸光度より得られた検量線から、マウス血清中のヒトIgG（Mタンパク質）濃度を算出した。

（2）投与抗体の調製

scFv/CHOポリペプチドのモノマー及びダイマーは、投与当日、濾過滅菌したPBS（-）を用いて、それぞれ0.4mg/ml、0.25mg/mlになるように調製し、投与試料とした。

(3) ヒト骨髓腫マウスモデルの作製

ヒト骨髓腫マウスモデルは以下のように作製した。S C I D マウス（日本クレア）を用いて *in vivo* 繼代した K P M M 2 細胞（特開平 7-236475 号公報）を 10% ウシ胎児血清（GIBCO BRL 社製）を含む R P M I 1 6 4 0 培地（GIBCO BRL 社製）で 3×10^7 個／m l になるように調製した。あらかじめ前日抗アシクロ GM 1 抗体（和光純薬社製、1 バイアルを 5 m l で溶解）100 μ l を皮下投与した S C I D マウス（オス、6 週齢）（日本クレア）に上記 K P M M 2 細胞懸濁液 200 μ l (6×10^6 個／マウス) を尾静脈より注入した。

(4) 抗体投与

（3）で作製したヒト骨髓腫マウスモデルに対し、K P M M 2 細胞移植後 3 日目より、1 日 2 回、3 日間、上記（2）で調製した投与試料、モノマーは 250 μ l、ダイマーは 400 μ l を、尾静脈より投与した。対照として、濾過滅菌した P B S（-）を同様に 1 日 2 回、3 日間、200 μ l、尾静脈より投与した。両群とも、1 群 7 匹で行った。

（5） s c F v / C H O ポリペプチドのモノマー及びダイマーのヒト骨髓腫移植マウスモデルに対する抗腫瘍効果の評価

s c F v / C H O ポリペプチドのモノマー及びダイマーのヒト骨髓腫マウスモデルの抗腫瘍効果については、当該骨髓腫細胞が産生するヒト I g G（Mタンパク質）のマウス血清中の量の変化、及び生存期間で評価した。マウス血清中のヒト I g G 量の変化については、K P M M 2 細胞移植後 24 日目に血清を採取し、上記（1）で述べた E L I S A を用いてヒト I g G 量を測定した。その結果、P B S（-）投与群では、血清ヒト I g G（Mタンパク質）量が約 8500 μ g／m l まで上昇しているのに対し、s c F v / C H O ダイマー投与群では対照群の 1 / 10 以下と顕著に低値であり、s c F v / C H O ダイマーが K P M M 2 細胞の増殖を非常に強く抑制していることが示された（図 3 2）。一方、生存期間についても図 3 3 に示すとおり、s c F v / C H O ダイマー投与群では P B S（-）投与群と比較して顕著な生存期間の延長が認められた。

以上より、s c F v / C H O ダイマーがヒト骨髓腫マウスモデルに対して、抗

腫瘍効果を有することが示された。本発明の改変抗体である s c F v / CHO ダイマーの抗腫瘍効果は、当該改変抗体が有するアポトーシス誘起作用に基づくと考えられる。

5. 15 赤血球凝集試験

5 赤血球凝集試験及び赤血球凝集の判定法は、続生化学実験講座の免疫生化学研究法（日本生化学会編、東京化学同人）に準じて実施した。

健常人の血液をヘパリン処理した注射筒により採血し、P B S (−) により 3 回洗浄した後、P B S (−) にて最終濃度が 2 % の赤血球浮遊液を作製した。検査サンプルは、対照としてマウス I g G (Zymed 社製) を用い、M A B L - 2 抗体、C H O 細胞產生の一本鎖 F v ポリペプチドモノマー、ダイマー、大腸菌產生の一本鎖 F v ポリペプチドのモノマーとダイマーを使用した。赤血球の凝集作用を検討するために、ファルコン社製の U 底の 9 6 ウェルプレートを使用し、上記の抗体サンプルを 5 0 μ l / ウェル添加した中に、2 % 赤血球浮遊液をさらに 5 0 μ l 添加、混和し、3 7 °C で 2 時間インキュベーション後、4 °C で一昼夜保存し、凝集を判定した。また、対照として、P B S (−) を 5 0 μ l / ウェル添加し、抗体サンプルと同様にして凝集試験を行った。抗体の最終濃度は、マウス I g G、M A B L - 2 抗体は、0. 0 1、0. 1、1、1 0、1 0 0 μ g / m l、一本鎖 F v は、0. 0 0 4、0. 0 4、0. 4、4、4 0、8 0 μ g / m l で大腸菌產生の一本鎖 F v ポリペプチドのダイマーのみさらに 1 6 0 μ g / m l の用量を設定した。その結果は、下記の表 2 に示す通り、M A B L - 2 抗体では、0. 1 μ g / m l 以上で赤血球凝集が見られたのに対し、一本鎖 F v ポリペプチドではモノマー、ダイマー共に赤血球凝集は認められなかった。

表 2

赤血球凝集試験

	対照	0.01	0.1	1	10	100	(μ g/mL)
mIgG	-	-	-	-	-	-	-
MABL-2(intact)	-	-	+	+++	+++	++	-
	対照	0.004	0.04	0.4	4	40	(μ g/mL)
scFv/CHO モマー	-	-	-	-	-	-	-
scFv/CHO ダイマー	-	-	-	-	-	-	-
	対照	0.004	0.04	0.4	4	40	(μ g/mL)
scFv/E. coli モマー	-	-	-	-	-	-	-
scFv/E. coli ダイマー	-	-	-	-	-	-	-

実施例6 2つのH鎖V領域及び2つのL鎖V領域を含む改変抗体sc(Fv)₂及

5 び種々の長さのペプチドリンカーを有するMABL-2抗体scFv

6. 1 MABL-2抗体sc(Fv)₂発現プラスミドの構築

MABL-2抗体由来の2つのH鎖V領域及び2つのL鎖V領域を含む改変抗体[sc(Fv)₂]を発現するプラスミドを作製するため、前述pCHOM2(MABL-2抗体由来のscFvをコードするDNAを含む)を以下に示す通りPCR法により修飾し、得られたDNA断片をpCHOM2に導入した。

PCRに使用するプライマーは、センスプライマーとしてEF1aをコードするDNAにハイブリダイズするEF1プライマー(配列番号:30)を使用し、アンチセンスプライマーとしてL鎖V領域のC末端をコードするDNAにハイブリダイズし且つリンカー領域をコードするDNA配列(配列番号:19)及びS1a1I制限酵素認識部位を有するVLLASプライマー(配列番号:31)を使用した。

PCR溶液100 μ lは、10 μ lの10×PCR Buffer #1、1mM MgCl₂、0.2mM dNTPs(dATP、dGTP、dCTP、dTTP)、5ユニットのKOD DNAポリメラーゼ(以上東洋紡社製)、1 μ Mの各プライマ

一、及び100ngの鑄型DNA (pCHOM2) を含有する。PCR溶液を94°Cにて30秒間、50°Cにて30秒間及び74°Cにて1分間、この順序で加熱した。この温度サイクルを30回反復した。

PCR生成物をQIAquick PCR Purification Kit (QIAGEN社製) を用いて精製し、Sal Iで消化し、得られたDNA断片をpBlue script KS⁺ベクター(東洋紡社製)にクローニングした。DNA配列決定の後、正しいDNA配列を有するDNA断片を含むプラスミドをSal Iで消化し、得られたDNA断片をSal Iで消化したpCHOM2にRapid DNA Ligation Kit (BOEHRINGER MANNHEIM社製)を用いて連結した。DNA配列決定の後、正しいDNA配列を有するDNA断片を含むプラスミドをpCHOM2(Fv)₂と命名した(図34を参照)。本プラスミドpCHOM2(Fv)₂に含まれるMABL-2抗体sc(Fv)₂領域の塩基配列及びアミノ酸配列を配列番号:32に示す。

6.2 種々の長さのペプチドリンカーを有するMABL-2抗体sc(Fv)発現プラスミドの作製

種々の長さのペプチドリンカーを有し、そして[H鎖] - [L鎖] (以下HL)、[L鎖] - [H鎖] (以下LH)となるようにV領域を連結したscFvを、MABL-2由来のH鎖及びL鎖cDNAを鑄型として以下の通りに作製した。

HLタイプのscFvを作製するために、まずpCHOM2(Fv)₂を鑄型としてCFHL-F1(配列番号:33)及びCFHL-R2(配列番号:34)プライマー、CFHL-F2(配列番号:35)及びCFHL-R1プライマー(配列番号:036)によりKODポリメラーゼにて94°C30秒、60°C30秒、72°C1分間の反応を30回繰り返すPCR反応を行い、5'側にリーダー配列を含むH鎖、及び3'側にFLAG配列を含むL鎖のcDNA遺伝子を作製した。得られたH鎖及びL鎖cDNAを鑄型として混合し、KODポリメラーゼにて94°C30秒、60°C30秒、72°C1分間の反応を5回繰り返すPCR反応を行い、CFHL-F1及びCFHL-R1プライマーを加えてさらに30サイクル反応することによりリンカーを含まないHL-0タイプのcDNAを作製した。

LHタイプのscFvを作製するために、まずMABL-2のL鎖及びH鎖V

領域のcDNAを含むプラスミドpGEM-M2L及びpGEM-M2H（特願平11-63557参照）を鋳型として、それぞれT7（配列番号：37）及びCFLH-R2（配列番号：38）プライマー、CFLH-F2（配列番号：39）及びCFLH-R1（配列番号：40）プライマーを用いてKODポリメラーゼ（東洋紡）にて94°C30秒、60°C30秒、72°C1分間の反応を30回繰り返すPCR反応を行い、5'側にリーダー配列を含むL鎖、及び3'側にFLAG配列を含むH鎖のcDNA遺伝子を作製した。得られたL鎖及びH鎖cDNAを鋳型として混合し、KODポリメラーゼにて94°C30秒、60°C30秒、72°C1分間の反応を5回繰り返すPCR反応を行い、T7及びCFLH-R1プライマーを加えてさらに30サイクル反応した。この反応産物を鋳型とし、CFLH-F4（配列番号：41）及びCFLH-R1プライマーを用いて94°C30秒、60°C30秒、72°C1分間の反応を30回繰り返すPCR反応を行うことによりリンカーを含まないLH-0タイプのcDNAを作製した。

こうして作製したLH-0、HL-0タイプのcDNAを制限酵素EcoRI、BamHI（宝酒造）処理し、XhoI制限酵素切断部位を含まない哺乳動物発現プラスミドINPEP4にLigation High（東洋紡）を用いて導入し、Competent E. coli JM109（ニッポンジーン）を形質転換した。形質転換した大腸菌よりQIAGEN Plasmid Maxi Kit（QIAGEN）にてプラスミドを精製した。こうしてプラスミドpCF2LH-0及びpCF2HL-0を作製した。

次に、リンカーサイズの異なる発現プラスミドを作製するためにHLタイプではpCF2HL-0を鋳型としてCFHL-X3（配列番号：42）、CFHL-X4（配列番号：43）、CFHL-X5（配列番号：44）、CFHL-X6（配列番号：45）、又はCFHL-X7（配列番号：46）のセンスプライマー及びアンチセンスプライマーとしてベクター配列に相補的なBGH-1（配列番号：47）プライマーを用いてKODポリメラーゼにて94°C30秒、60°C30秒、72°C1分間の反応を30回繰り返すPCR反応を行い、得られた反応産物を制限酵素XhoI、BamHI（宝酒造）にて処理した。得られた断片をpCF2HL-0のXhoI、BamHIサイトにLigation High（東洋紡）を用

いて導入し、Competent *E. coli* JM109を形質転換した。形質転換した大腸菌より QIAGEN Plasmid Maxi Kit にてプラスミドを精製した。こうして、発現プラスミド pCF2HL-3、pCF2HL-4、pCF2HL-5、pCF2HL-6 及び pCF2HL-7 を作製した。更に COS7 細胞での一過的発現に用いる発現プラスミドを作製するために、pCF2HL-0、pCF2HL-3、pCF2HL-4、pCF2HL-5、pCF2HL-6 及び pCF2HL-7 を制限酵素 EcoRI 及び BamHI (宝酒造) にて処理し、約 800 bp の断片をアガロースゲル電気泳動によるゲルからの回収により精製した。得られた断片を哺乳動物細胞発現プラスミド pCOS1 の EcoRI 及び BamHI サイトに Ligation High を用いて導入し、Competent *E. coli* DH5α (東洋紡) を形質転換した。形質転換した大腸菌より QIAGEN Plasmid Maxi Kit にてプラスミドを精製した。こうして、発現プラスミド CF2HL-0 / pCOS1、CF2HL-3 / pCOS1、CF2HL-4 / pCOS1、CF2HL-5 / pCOS1、CF2HL-6 / pCOS1 及び CF2HL-7 / pCOS1 を作製した。代表的な例として、プラスミド CF2HL-0 / pCOS1 の構造を図 35 に示し、これに含まれる MABL2 - scFv <HL-0> の塩基配列及びアミノ酸配列を配列番号 : 48 に示す。また各プラスミドのリンカーパーティーの塩基配列及びアミノ酸配列を図 36 に示す。

また、リンカーサイズの異なる LH タイプの発現プラスミドを作製するため、
20 pCF2LH-0 を鋳型として CFLH-X3 (配列番号 : 49)、CFLH-X4 (配列番号 : 50)、CFLH-X5 (配列番号 : 51)、CFLH-X6 (配列番号 : 52) 又は CFLH-X7 (配列番号 : 53) のセンスプライマー及びアンチセンスプライマーとしてベクター配列に相補的な BGH-1 プライマーを用いて KOD ポリメラーゼにて 94°C 30 秒、60°C 30 秒、72°C 1 分間の反応を 30 回繰り返す PCR 反応を行い、得られた反応産物を制限酵素 XbaI、BamHI にて処理した。得られた断片を pCF2LH-0 の XbaI、BamHI サイトに Ligation High を用いて導入し、Competent *E. coli* DH5α (東洋紡) を形質転換した。形質転換した大腸菌より QIAGEN Plasmid Maxi Kit にて

ラスミドを精製した。こうして、発現プラスミドpCF2LH-3、pCF2LH-4、pCF2LH-5、pCF2LH-6及びpCF2LH-7を作製した。更にCOS7細胞での一過的発現に用いる発現プラスミドを作製するために、pCF2LH-0、pCF2LH-3、pCF2LH-4、pCF2LH-5、pCF2LH-6及びpCF2LH-7を制限酵素EcoRI及びBamHI（宝酒造）にて処理し、約800bpの断片をアガロースゲル電気泳動によるゲルからの回収により精製した。得られた断片を哺乳動物細胞発現プラスミドpCOS1のEcoRI及びBamHIサイトにLigation Highを用いて導入し、Competent E. coli DH5α（東洋紡）を形質転換した。形質転換した大腸菌よりQIAGEN Plasmid Maxi Kitにてプラスミドを精製した。こうして、発現プラスミドCF2LH-0/pCOS1、CF2LH-3/pCOS1、CF2LH-4/pCOS1、CF2LH-5/pCOS1、CF2LH-6/pCOS1及びCF2LH-7/pCOS1を作製した。代表的な例として、プラスミドCF2LH-0/pCOS1の構造を図37に示し、これに含まれるMABL2-scFv<LH-0>の塩基配列及びアミノ酸配列を配列番号：54に示す。また各プラスミドのリンカー部分の塩基配列及びアミノ酸配列を図38に示す。

6. 3 COS7細胞におけるscFv及びsc(Fv)₂の発現

(1) 有血清培地での培養上清の調製

HLタイプ、LHタイプscFv及びsc(Fv)₂の発現のために、COS7細胞（JCRB9127、ヒューマンサイエンス振興財団）での一過的発現を行った。COS7細胞は10%牛胎児血清（HyClone）を含むDMEM培地（GIBCO BRL社製）にて、37℃の炭酸ガス恒温槽中で経代培養した。

6. 2で構築したCF2HL-0、3~7/pCOS1、もしくはCF2LH-0、3~7/pCOS1又はpCHOM2(Fv)₂ベクターを、Gene Pulser装置（BioRad社製）を用いてエレクトロポレーションによりCOS7細胞にトランسفェクションした。

DNA (1.0 μg) とDMEM (10% FBS, 5mM BES (SIGMA社)) 培地中2×10⁷細胞/m1の0.25m1をキュベットに加え、10分間静

置の後に0.17kV、950μFの容量にてパルスを与えた。10分間静置の後、エレクトロポレーションされた細胞をDMEM(10%FBS)培地に混合し、75cm³フラスコに加えた。72時間培養後、培養上清を集め、遠心分離により細胞破片を除去し、更に0.22μmボトルトップフィルター(FALCON)にて濾過し、これを培養上清(CM)とした。

5 (2) 無血清培地での培養上清の調製

上記(1)と同様の方法でトランスフェクションした細胞をDMEM(10%FBS)培地に加え75cm³フラスコにて一夜培養した後、培養上清を捨て、PBSにて洗浄後、CHO-S-SFM II培地(GIBCO BRL社製)を添加した。72時間培養後、培養上清を集め、遠心分離により細胞破片を除去し、更に0.22μmボトルトップフィルターにて濾過し、CMを得た。

6. 4 COS 7 CM中のscFv及びsc(Fv)₂の検出

前記6. 3(2)で調製したCOS 7のCM中における種々のMABL2-scFv及びsc(Fv)₂のポリペプチドを下記の通りにウェスタンプロッティング法により検出した。

各COS 7 CMについてについてSDS-PAGEを行い、REINFORCED NC膜(Schleicher & Schuell社製)に転写した。5%スキムミルク(森永乳業社製)にてプロッキングを行い、TBSにて洗浄後、抗FLAG抗体(SIGMA社製)を加えた。室温にてインキュベーション及び洗浄の後、ペルオキシダーゼ標識抗マウスIgG抗体(Jackson Immuno Research社製)を加え、室温にてインキュベーション及び洗浄後、基質溶液を添加し、発色させた(図39)。

6. 5 フローサイトメトリー

MABL2-scFv及びsc(Fv)₂のヒトIntegrin Assosiated Protein(IAP)抗原への結合を測定するため、前記6. 3(1)にて調製したCOS 7細胞培養上清を用いてフローサイトメトリーを行った。ヒトIAPを発現するマウス白血病細胞株L1210細胞2×10⁵個に、実施例6. 3(1)で得られた培養上清あるいは対照としてCOS 7細胞の培養上清を加え、氷上にてインキュベーション及び洗浄の後、10μg/mlのマウス抗FLAG抗体(SIGMA社

5 製) を加えた。インキュベーション及び洗浄の後、F I T C標識抗マウス Ig G
抗体 (BECTON DICKINSON 社製) を加えた。再度インキュベーション及び洗浄の後、
10 F A C S c a n 装置 (BECTON DICKINSON 社製) にて蛍光強度を測定した。その結
果、各C O S 7 培養上清中の種々の長さのペプチドリンカーを有するM A B L 2
- s c F v 及び s c (F v)₂ は、ヒトI A P に対して高い親和性を有することが示
された (図4 0 a 及び b)。

6. 6 in vitro でのアポトーシス誘起効果

10 前記1. 3 (1) にて調製したC O S 7 細胞培養上清について、ヒトI A P を
遺伝子導入したL 1 2 1 0 細胞 (h I A P / L 1 2 1 0) に対するアポトーシス
15 誘導作用をA n n e x i n - V (BOEHRINGER MANNHEIM 社製) 染色により検討し
た。

h I A P / L 1 2 1 0 細胞 5×1 0⁴ 個に、各ベクターを形質転換したC O S 7
細胞培養上清あるいはコントロールとしてC O S 7 細胞培養上清を終濃度1 0 %
で添加し、2 4 時間培養した。その後、A n n e x i n - V / P I 染色を行い、
15 F A C S c a n 装置 (BECTON DICKINSON 社製) にて蛍光強度を測定した。その結
果、C O S 7 CM 中の s c F v < H L 3, 4, 6, 7, L H 3, 4, 6, 7 >
及び s c (F v)₂ は h I A P / L 1 2 1 0 細胞に対して顕著な細胞死を誘導した。
得られた結果を図4 1 にそれぞれ示す。

6. 7 M A B L 2 - s c F v 及び s c (F v)₂ のC H O 細胞用発現ベクターの構 築

前記M A B L 2 - s c F v 及び s c (F v)₂ を培養上清から精製することを目的
として、これらをC H O 細胞にて発現させるための発現ベクターを以下のように
構築した。

前記1. 2 にて調製したp C F 2 H L - 0, 3 ~ 7 及びp C F 2 L H - 0, 3
25 ~ 7 のE c o R I - B a m H I 断片を、C H O 細胞用発現ベクターp C H O 1 の
E c o R I 及びB a m H I 部位にLigation High を用いて導入し、Competent E.
coli D H 5 a を形質転換した大腸菌よりQIAGEN Plasmid Midi
Kit (QIAGEN) にてプラスミドを精製した。このようにして発現プラスミドp C H

OM2HL-0, 3~7及びpCHOM2LH-0, 3~7を作製した。

6. 8 MABL2-s c Fv<HL-0, 3~7>、MABL2-s c Fv<LH-0, 3~7>及びs c (Fv), 発現CHO細胞の作製並びにその培養上清の調製

5 前記1. 7にて構築した発現プラスミドpCHOM2HL-0, 3~7及びpCHOM2LH-0, 3~7並びにpCHOM2(Fv)₂ベクターを以下の通りにCHO細胞に形質転換し、各改変抗体を恒常に発現するCHO細胞を作製した。その代表的な例としてMABL2-s c Fv<HL-5>、s c (Fv)₂を恒常に発現するCHO細胞の作製を下記に示す。

10 発現プラスミドpCHOM2HL-5及びpCHOM2(Fv)₂を制限酵素Pvu Iにて消化して直鎖状にし、これらをGene Pulser装置(BioRad社製)を用いてエレクトロポレーションによりCHO細胞にトランスフェクションした。DNA(10μg)と、PBS中1×10⁷細胞/mlの0.75mlをキュベットに加え、1.5kV、25μFの容量にてパルスを与えた。室温にて10分間の回復期間の後、エレクトロポレーション処理された細胞を、10%のウシ胎児血清を含有する核酸含有α-MEM培地(GIBCO BRL社製)に加え培養した。一夜培養後、培養上清を除去し、PBSにてリノスした後、10%のウシ胎児血清を含有する核酸不含α-MEM培地(GIBCO BRL社製)を加え培養した。約2週間培養後、methotrexate(SIGMA社製)を終濃度10nMで含有する培地で更に培養し、その後50nM、そして100nMと濃度を順次上げて培養を続けた。こうして得られた細胞をローラーボトル中で無血清培地CHO-S-SFM II(GIBCO BRL社製)にて培養後、培養上清を集め、遠心分離により細胞破片を除去し、更に0.20μmフィルターにて濾過し、それぞれのCMを得た。

25 同様にして、MABL2-s c Fv<HL-0, 3, 4, 6, 7>及び<LH-0, 3, 4, 5, 6, 7>を恒常に発現するCHO細胞及びそれらのCMを得た。

6. 9 MABL2-s c Fv<HL-5>のダイマー及びs c (Fv)₂の精製

下記の2種類の精製法により前記6. 8で得られたCMからMABL2-s c

F v <HL-5>及びs c (F v)₂の精製を行った。

<精製法1> HL-5及びs c (F v)₂を、そのポリペプチドのC末端のF 1 a

g配列を利用した抗F 1 a g抗体アフィニティカラムクロマトグラフィー及びゲル濾過を用いて精製した。150 mM NaClを含む50 mM Tris塩酸

5 緩衝液、pH 7.5 (TBS) で平衡化した抗Flag M2 Affinity gel (SIGMA) で

作成したカラム (7.9 ml) に前記6. 8で得られたCM (1 L) を添加し、T

B Sでカラムを洗浄後、0.1Mグリシン塩酸緩衝液、pH 3.5でs c F vをカラムから溶出させた。得られた画分を SDS/PAGEで分析し、s c F vの溶

出を確認した。s c F v画分を終濃度が0.01%となるようにTween 20を

10 加え、Centricon-10 (MILLIPORE) で濃縮した。濃縮液を150 mM NaCl及び0.01% Tween 20を含む20 mM酢酸緩衝液、pH 6.0で平衡化した

TSKgel G3000 SWカラム (7.5×600 mm) にかけた。流速0.4 ml/minでs c F vは280 nmの吸収で検出した。HL-5は主要ピークと

してダイマーの位置に、s c (F v)₂はモノマーの位置にそれぞれ溶出された。

15 <精製法2> HL-5及びs c (F v)₂をイオン交換クロマトグラフィー、ハイドロキシアパタイト及びゲル濾過の三工程で精製した。イオン交換クロマトグラ

フィーでは、HL-5ではQ Sepharose fast flowカラム (ファルマシア) をs

c (F v)₂ではSP-sepharose fast flowカラムを用い、第二工程以降はHL-5とs c (F v)₂で同じ条件を用いた。

20 (第一工程) HL-5

HL-5のCMは、0.02% Tween 20を含む20 mM Tris塩酸緩衝液、pH 9.0で2倍希釈した後に、1M TrisでpHを9.0に調整した。

この後、0.02% Tween 20を含む20 mM Tris塩酸緩衝液、pH 8.5で平衡化したQ Sepharose fast flowカラムにかけ、同緩衝液中0.1Mから0.

25 5.5 MまでのNaClの直線濃度勾配でカラムに吸着したポリペプチドを溶出した。得られた画分を SDS/PAGEで分析し、HL-5を含む画分を集め、第二工程のハイドロキシアパタイトにかけた。

(第一工程) s c (F v)₂

s c (F v)₂のCMは、0.02%T w e e n 2 0を含む20mM酢酸緩衝液、pH 5.5で2倍希釈した後に、1M酢酸でpHを5.5に調整した。0.02%T w e e n 2 0を含む20mM酢酸緩衝液、pH 5.5で平衡化したSP-Sepahrose fast flowカラムにかけ、同緩衝液中、NaCl濃度を0から0.5Mまで直線的に上げ、カラムに吸着したポリペプチドを溶出した。得られた画分をSDS/PAGEで分析し、s c (F v)₂を含む画分を集め、第二工程のハイドロキシアパタイトにかけた。

(第二工程) HL-5及びs c (F v)₂のハイドロキシアパタイトクロマトグラフイー

第一工程で得られたHL-5画分及びs c (F v)₂画分をそれぞれ0.02%T w e e n 2 0を含む10mMリン酸緩衝液、pH 7.0で平衡化したハイドロキシアパタイトカラム(BioRad、タイプI)に添加し、同緩衝液でカラムを洗浄後、リン酸緩衝液濃度を0.5Mまで直線的に上げ、カラムに吸着したポリペプチドを溶出した。各画分をSDS/PAGEで分析し、所望のポリペプチドが含まれる画分を集めた。

(第三工程) HL-5及びs c (F v)₂のゲルfiltration

第二工程で得られた各画分をそれぞれCentriprep-10(MILLIPORE)で濃縮し、0.02%T w e e n 2 0及び0.15M NaClを含む20mM酢酸緩衝液、pH 6.0で平衡化したSuperdex 200カラム(2.6×60cm、ファルマシア)にかけた。HL-5はダイマーに位置に、s c (F v) HL-5及びs c (F v)₂はモノマーの位置にそれぞれ主要ピークとして溶出された。

いずれの精製法においても、HL-5モノマーは殆ど検出されなかったことから、一本鎖F vのリンカーのアミノ酸残基数が5個程度であれば、効率的に一本鎖F vのダイマーが形成できることが判明した。HL-5ダイマーおよびs c (F v)₂はいずれも精製された後も4℃で1ヶ月間安定的に維持された。

6. 10 精製s c F v<HL-5>のダイマー及びs c (F v)₂の抗原結合活性評価

精製されたM A B L 2-s c F v<HL 5>のダイマー及びs c (F v)₂のヒト

Integrin Assosiated Protein (IAP) 抗原への結合を測定するため、フローサイトメトリーを行った。ヒトIAPを発現するマウス白血病細胞株L1210細胞 (hIAP/L1210) 又は対照としてpCOS1ベクターをトランスフェクションしたL1210細胞 (pCOS1/L1210) 2×10^5 個に、 10μ g/m1の精製MABL2-scFv<HL5>のダイマー、MABL2-sc(Fv)₂、陽性対照としてモノクローナル抗体MABL-2、陰性対照としてマウスIgG (Zymed社製) を加え、氷上にてインキュベーション及び洗浄の後、 10μ g/m1のマウス抗FLAG抗体 (SIGMA社製) を加えた。インキュベーション及び洗浄の後、FITC標識抗マウスIgG抗体 (BECTON DICKINSON社製) を加えた。再度インキュベーション及び洗浄の後、FACScan装置 (BECTON DICKINSON社製) にて蛍光強度を測定した。

その結果、精製MABL2-scFv<HL5>のダイマー及びMABL2-sc(Fv)₂はhIAP/L1210細胞に特異的に結合したことにより、scFv<HL5>のダイマー及びsc(Fv)₂がヒトIAPに対して高い親和性を有することが示された (図42)。

6. 11 精製scFv<HL-5>のダイマー及びsc(Fv)₂のin vitroアポトーシス誘起効果

精製したMABL2-scFv<HL5>のダイマー及びsc(Fv)₂について、ヒトIAPを遺伝子導入したL1210細胞 (hIAP/L1210) 及びヒト白血病細胞株CCRF-CEMに対するアポトーシス誘導作用をAnnexin-V (BOEHRINGER MANNHEIM社製) 染色により検討した。

hIAP/L1210細胞 5×10^4 個あるいはCCRF-CEM細胞 1×10^5 個に、精製MABL2-scFv<HL5>のダイマー、MABL2-sc(Fv)₂、陽性対照としてモノクローナル抗体MABL-2、陰性対照としてマウスIgGを様々な濃度で添加し、24時間培養した。その後、Annexin-V染色を行い、FACScan装置 (BECTON DICKINSON社製) にて蛍光強度を測定した。その結果、MABL2-scFv<HL5>のダイマー及びMABL2-sc(Fv)₂はhIAP/L1210、CCRF-CEMの両細胞に対して濃度依

存的に細胞死を誘導した（図43）。この結果、MABL2-scFv<HL5>のダイマー及びMABL2-sc(Fv)₂は、もとのモノクローナル抗体MABL-2と比較して改善されたアポトーシス誘導作用を有することが示された。

6. 12 精製scFv<HL-5>のダイマー及びsc(Fv)₂の赤血球凝集試験

5 験

実施例5. 15に従って、種々の濃度の精製したscFv<HL-5>のダイマー及びsc(Fv)₂の血液凝集試験を実施した。

モノクローナル抗体MABL-2（陽性対照）では血液凝集が起こるのに対して、一本鎖抗体のMABL2-sc(Fv)₂及びMABL2-sc(Fv)<HL5>は凝集しなかった。また、MABL-2抗体を用いた緩衝液の差もほとんどみられなかった。その結果を下記の表3に示す。

3

試驗集凝球赤示卜

希釋液: PBS											(μg/ml)										
MAB2-sc(Fv)2	cont	28.9	14.45	7.225	3.6125	1.8063	0.9031	0.4516	0.2258	0.1129	0.0564	0.0282	0.0141	0.0071	0.0035	0.0018	—	—	—	—	—
MAB2-sc(Fv)2 (115)	cont	28.0	14.0	7.0	3.5	1.75	0.875	0.4375	0.2188	0.1094	0.0547	0.0273	0.0137	0.0068	0.0034	0.0017	—	—	—	—	—
MAB2 (intact)	cont	80	40	20	10	5	2.5	1.25	0.625	0.3125	0.1563	0.0781	0.0391	0.0195	0.0098	0.0049	—	—	—	—	—
mIgG	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—
希釋液: Acetate Buffer											(μg/ml)										
MAB2 (intact)	cont	80	40	20	10	5	2.5	1.25	0.625	0.3125	0.1563	0.0781	0.0391	0.0195	0.0098	0.0049	—	—	—	—	—

6. 13 精製 s c F v <HL-5>のダイマー及びs c (F v)₂のヒト骨髓腫マウスモデルに対する抗腫瘍効果

実施例 6. 8 及び 6. 9 にて作製、精製した s c F v <HL-5>のダイマー及び s c (F v)₂について、その抗腫瘍効果を試験した。具体的には実施例 5. 1 4 (3) で作製したヒト骨髓腫マウスモデルを用いて、マウス血清中における、ヒト骨髓腫細胞が産生するMタンパク質をELISAにより定量し、併せてマウスの生存日数を記録した。そして、血清中のMタンパク質量の変化および生存日数により、s c F v <HL-5>のダイマー及びs c (F v)₂の抗腫瘍効果を評価した。

なお、本試験においてHL-5及びs c (F v)₂は、vehicle (150 mM NaCl, 0.02% Tween及び20 mM 酢酸緩衝液, pH 6.0) 中の 0.01、0.1 又は 1 mg/ml の溶液として、投与量が 0.1、1 または 10 mg/kg になるようにマウスに投与した。また、対照は vehicle のみを投与した。

ヒト骨髓腫細胞移植後 26 日目に血清を採取し、血清中のMタンパク質量をELISAにより実施例 5. 1 4 に従って測定した。その結果、HL-5投与群及びダイマー及びs c (F v)₂投与群共に、血清中のMタンパク質量が投与量依存的に減少していた (図 4 4 を参照)。また、その生存期間については、HL-5投与群 (図 4 5) 及びs c (F v)₂投与群 (図 4 6) 共に対照 (vehicle 投与群) と比較して有意な生存期間の延長が観察された。これらの結果は、本発明の HL-5 及び s c (F v)₂ がインビボにおいても優れた抗腫瘍作用を有することを示している。

実施例 7 ヒトMPLに対するヒト抗体 12B5 のH鎖V領域及びL鎖V領域を含む一本鎖Fv

ヒトMPLに対するヒトモノクローナル抗体 12B5 のV領域をコードするDNAを次のようにして構築した。

7. 1 12B5 H鎖V領域をコードする遺伝子の構築

ヒトMPLに結合するヒト抗体12B5H鎖V領域をコードする遺伝子は、該遺伝子の塩基配列（配列番号55）を用いて、その5'末端にヒト抗体遺伝子由來のリーダー配列（配列番号56）（Eur. J. Immunol. 1996; 26: 63-69）を連結させることで設計した。設計した塩基配列はそれぞれ15bpのオーバーラップ配列を持つように4本のオリゴヌクレオチド（12B5VH-1、12B5VH-2、12B5VH-3、12B5VH-4）に分割し、12B5VH-1（配列番号57）及び12B5VH-3（配列番号：59）はセンス方向で、12B5VH-2（配列番号：58）及び12B5VH-4（配列番号：60）はアンチセンス方向でそれぞれ合成した。各合成オリゴヌクレオチドはそれぞれの相補性によりアッセンブリさせた後、外側プライマー（12B5VH-S及び12B5VH-A）を加え、全長の遺伝子を増幅した。なお、12B5VH-S（配列番号：61）は前方プライマーでリーダー配列の5'末端にハイブリダイズし、且つHind III制限酵素認識配列ならびにコザック配列を持つように、また12B5VH-A（配列番号：62）は後方プライマーでH鎖V領域のC末端をコードする塩基配列にハイブリダイズし、且つスプライスドナー配列ならびにBamHI制限酵素認識配列を持つようにそれぞれ設計した。

PCR溶液100μlは、10μlの10×PCR Gold Buffer II、1.5mM MgCl₂、0.08mM dNTPs (dATP、dTTP、dCTP、dTTP)、5ユニットのDNAポリメラーゼ AmpliTaq Gold (以上 PERKIN ELMER 社製)、2.5ピコモル [p mole] ずつの合成オリゴヌクレオチド12B5VH-1～4を含有し、94℃の初期温度にて9分間そして次に94℃にて2分間、55℃にて2分間及び72℃にて2分間のサイクルを2回反復した後、100pmoleずつの外側プライマー12B5VH-S及び12B5VH-Aを加え、さらに94℃にて30秒間、55℃にて30秒間及び72℃にて1分間のサイクルを35回反復した後、反応混合物を更に72℃で5分間加熱した。

PCR生成物は1.5%低融点アガロースゲル (Sigma 社製) を用い精製した後、制限酵素BamHI及びHind IIIで消化し、ヒトH鎖発現ベクターHEF-γ1にクローニングした。DNA配列決定の後、正しいDNA配列を有するDN

A断片を含むプラスミドをHE F-12B5H-g γ 1と命名した。

さらに、HE F-12B5H-g γ 1を制限酵素EcoRIならびにBamHIで消化し、12B5VHをコードする遺伝子を調製した後、ヒトFabH鎖発現ベクターpCOS-Fdに挿入しpFd-12B5Hを得た。なお、ヒトFabH鎖発現ベクターはヒト抗体H鎖V領域と定常領域をコードする遺伝子間に存在するイントロン領域ならびにヒトH鎖定常領域の一部をコードする遺伝子を含むDNA（配列番号63）をPCR法を用い増幅した後、動物細胞発現ベクターpCOS1に挿入することで構築したベクターである。ヒトH鎖定常領域はHE F-g γ 1を鋳型とし、上記と同様の条件下にて遺伝子の増幅を行い、前方プライマーとしてイントロン1の5'端の配列とハイブリダイズし、且つEcoRI及びBamHI制限酵素認識配列を有するように設計したG1CH1-S（配列番号64）を、後方プライマーとしてヒトH鎖定常領域CH1ドメインの3'端のDNAにハイブリダイズし、且つヒンジ領域の一部をコードする配列、二個の停止コドンおよびBglII制限酵素認識部位を有するように設計したG1CH1-A（配列番号65）を用いた。

プラスミドHE F-12B5H-g γ 1及びpFd-12B5Hに含まれる再構成12B5H鎖可変領域の塩基配列及びアミノ酸配列を配列番号：66に示す。

7. 2 12B5L鎖V領域をコードする遺伝子の構築

ヒトMPLに結合するヒト抗体12B5L鎖V領域をコードする遺伝子は、該遺伝子の塩基配列（配列番号67）を用い、その5'末端にヒト抗体遺伝子3D6（Nuc. Acid Res. 1990: 18; 4927）由来のリーダー配列（配列番号68）を連結させることで設計した。設計した塩基配列は上記と同様にそれぞれ15bpのオーバーラップ配列を持つように4本のオリゴヌクレオチド（12B5VL-1、12B5VL-2、12B5VL-3、12B5VL-4）に分割し、それぞれ合成した。12B5VL-1（配列番号：69）及び12B5VL-3（配列番号：71）はセンス配列、12B5VL-2（配列番号：70）及び12B5VL-4（配列番号：72）はアンチセンス配列を有し、各合成オリゴヌクレオチドはそれぞれの相補性によりアッセンブリさせた後、外側プライマー（12B5

V L-S 及び 1 2 B 5 V L-A) を加え、全長の遺伝子を増幅した。なお、 1 2 B 5 V L-S (配列番号： 7 3) は前方プライマーでリーダー配列の 5' 末端にハイブリダイズし、且つ H i n d III 制限酵素認識配列ならびにコザック配列を持つように、また 1 2 B 5 V L-A (配列番号： 7 4) は後方プライマーで L鎖 V 領域の C 末端をコードする塩基配列にハイブリダイズし、且つスプライスドナー配列ならびに B a m H I 制限酵素認識配列を持つようにそれぞれ設計した。

PCR 反応は上記と同様を行い、PCR 生成物は 1.5% 低融点アガロースゲル (Sigma 社製) を用い精製した後、制限酵素 B a m H I 及び H i n d III で消化し、ヒト L鎖発現ベクター H E F - g k にクローニングした。DNA 配列決定の後、正しいDNA 配列を有するDNA 断片を含むプラスミドを H E F - 1 2 B 5 L - g k と命名した。本プラスミド H E F - 1 2 B 5 L - g k に含まれる再構成 1 2 B 5 L鎖 V 領域の塩基配列及びアミノ酸配列を配列番号： 7 5 に示す。

7. 3 再構成 1 2 B 5 一本鎖 F v (s c F v) の作製

再構成 1 2 B 5 抗体一本鎖 F v は 1 2 B 5 V H - リンカー - 1 2 B 5 V L の順とし、その C 末端には検出及び精製を容易にするために F L A G 配列 (配列番号： 7 6) を付加することで設計した。さらに、リンカー配列は (G l y 4 S e r) 3 の 15 アミノ酸からなるリンカー配列を用い、再構成 1 2 B 5 一本鎖 F v (s c 1 2 B 5) を構築した。

(1) 15 アミノ酸からなるリンカー配列を用いた再構成 1 2 B 5 一本鎖 F v の作製

15 アミノ酸からなるリンカーを用いた再構成 1 2 B 5 抗体一本鎖 F v をコードする遺伝子は 1 2 B 5 H鎖 V 領域、リンカー領域、及び 1 2 B 5 L鎖 V 領域をそれぞれ PCR 法を用いて増幅し、連結することにより構築した。この方法を図 4 7 に模式的に示す。再構成 1 2 B 5 一本鎖 F v の作製のために 6 個の PCR プライマー (A~F) を使用した。プライマー A、C 及び E はセンス配列を有し、プライマー B、D 及び F はアンチセンス配列を有する。

H鎖 V 領域のための前方プライマー 1 2 B 5 - S (プライマー A、配列番号： 7 7) は、H鎖リーダー配列の 5' 末端にハイブリダイズし且つ E c o R I 制限酵

素認識部位を有するように設計した。H鎖V領域のための後方プライマーH_uVHJ3（プライマーB、配列番号：78）は、H鎖V領域のC末端をコードするDNAにハイブリダイズするように設計した。

5 リンカーのための前方プライマーRH_uJH3（プライマーC、配列番号：79）は、リンカーのN末端をコードするDNAにハイブリダイズし且つH鎖V領域のC末端をコードするDNAとオーバーラップするように設計した。リンカーのための後方プライマーRH_uVK1（プライマーD、配列番号：80）は、リンカーのC末端をコードするDNAにハイブリダイズし且つL鎖V領域のN末端をコードするDNAとオーバーラップするように設計した。

10 L鎖V領域のための前方プライマーH_uVK1.2（プライマーE、配列番号：81）はL鎖V領域のN末端をコードするDNAにハイブリダイズするように設計した。L鎖V領域のための後方プライマー12B5F-A（プライマーF、配列番号：82）は、L鎖V領域のC末端をコードするDNAにハイブリダイズし且つFLAGペプチドをコードする配列（Hopp, T. P. ら、Bio/Technology, 6, 1204-1210, 1988）、2個の転写停止コドン及びNotI制限酵素認識部位を有するように設計した。

20 第一PCR段階において3つの反応A-B、C-D及びE-Fを行い、そして第一PCRから得られた3つのPCR生成物をそれら自体の相補性によりアッセンブリさせた。次に、プライマーA及びFを加えて、15アミノ酸からなるリンカーケ用いた再構成12B5一本鎖Fvをコードする全長DNAを増幅した（第二PCR）。なお、第一PCRにおいては、再構成12B5H鎖V領域をコードするプラスミドHEF-12B5H-g γ 1（実施例7.1を参照）、Gly Gly Ser Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly SerからなるリンカーフィールドをコードするDNA配列（配列番号：83）（Huston, J. S. ら、Proc. Natl. Acad. Sci. USA, 85, 5879-5883, 1988）を含んで成るプラスミドpSCFVT7-hM21（ヒト型化ONS-M21抗体）（Ohtomo, T. ら、Anticancer Res. 18 (1998), 4311-4316）、及び再構成12B5L鎖V領域をコードするプラスミドHEF-12B5L-g κ

(実施例7. 2を参照)をそれぞれ鋳型として用いた。

第一PCR段階の溶液50μlは、5μlの10×PCR Gold Buffer II、1.5mM MgCl₂、0.08mM dNTPs、5ユニットのDNAポリメラーゼAmpliTaq Gold (以上PERKIN ELMER社製)、100pmolの各プライマー及び100ngの各鋳型DNAを含有し、94℃の初期温度にて9分間そして次に94℃にて30秒間、55℃にて30秒間及び72℃にて1分間のサイクルを35回反復した後、反応混合物を更に72℃で5分間加熱した。

PCR生成物A-B、C-D、及びE-Fは第二PCRでアッセンブリした。第二PCRにおいて、鋳型として1μlの第一PCR反応物A-B、0.5μlのPCR反応物C-D及び1μlのPCR反応物E-F、10μlの10×PCR Gold Buffer II、1.5mM MgCl₂、0.08mM dNTPs、5ユニットのDNAポリメラーゼAmpliTaq Gold (以上PERKIN ELMER社製)を含有する9.8μlのPCR混合液を、94℃の初期温度にて9分間そして次に94℃にて2分間、65℃にて2分間及び72℃にて2分間のサイクルを2回反復した後、それぞれ100pmolの各プライマーA及びFを加えた。そして94℃にて30秒間、55℃にて30秒間及び72℃にて1分間のサイクルを35回反復した後、反応混合物を72℃にて5分間加熱した。

第二PCRにより生じたDNA断片を1.5%低融点アガロースゲルを用いて精製し、EcoRI及びNotIで消化し、得られたDNA断片をpCHO1ベクターおよびpCOS1ベクター(特願平8-255196)にクローニングした。なお、本発現ベクターpCHO1は、DHFR-ΔE-rvH-PM1-f (WO 92/19759参照)から、EcoRI及びSmaI消化により抗体遺伝子を削除し、EcoRI-NotI-BamHI Adaptor (宝酒造社製)を連結することにより構築したベクターである。DNA配列決定の後、再構成12B5一本鎖Fvの正しいアミノ酸配列をコードするDNA断片を含むプラスミドをpCHO-sc12B5及びpCOS-sc12B5と命名した。本プラスミドpCHO-sc12B5及びpCOS-sc12B5に含まれる再構成12B5一本鎖Fvの塩基配列及びアミノ酸配列を配列番号:84に示す。

7. 4 動物細胞を用いた各 12B5抗体 (IgG、Fab) 及び一本鎖Fvポリペプチドの発現

12B5抗体 (IgG、Fab) 及び12B5抗体由来の一本鎖Fv (ポリペプチド) はCOS-7細胞又はCHO細胞を用い発現させた。

5 COS-7細胞を用いた一過的な発現は次のようにして行った。すなわち、Gene Pulser装置 (BioRad社製) を用いたエレクトロポレーション法により遺伝子導入した。12B5抗体 (IgG) の発現には前述の発現ベクターHEF-12B5H-gγ1及びHEF-12B5L-gκ各10μgずつを、12B5Fab断片の発現にはpFd-12B5HとHEF-12B5L-gκ各10μgずつを、一本鎖Fvの発現にはpCOS-sc12B5 (10μg) をPBSに懸濁したCOS-7細胞 (1×10^7 細胞/ml) 0.8mlに混合し、キュベットに加え、1.5kV、25μFDの容量にてパルスを与えた。室温にて10分間の回復期間の後、エレクトロポレーション処理された細胞を、10%のウシ胎児血清を含有するDMEM培地 (GIBCO BRL社製) に加え培養した。終夜培養後、細胞をPBSで一回洗浄し、さらに無血清培地CHO-S-SFM II培地を加え、さらに2日間培養した。培養上清を遠心し細胞破碎物を除去した後、0.22μmのフィルターを通すことで調製した。

また、12B5抗体由来の一本鎖Fv (ポリペプチド) の恒常的発現CHO細胞株を樹立するため、pCHO-sc12B5発現ベクターを下記のようにCHO細胞に遺伝子導入した。

すなわち、Gene Pulser装置 (BioRad社製) を用いたエレクトロポレーション法により発現ベクターをCHO細胞に導入した。制限酵素Pvu Iで消化し直鎖状にしたDNA (100μg) とPBSに懸濁したCHO細胞 (1×10^7 細胞/ml) の0.8mlを混合したものをキュベットに加え氷中で10分間静置した後、1.5kV、2.5μFDの容量にてパルスを与えた。室温にて10分間の回復期間の後、エレクトロポレーション処理された細胞を、10%のウシ胎児血清を含有するCHO-S-SFM II (GIBCO BRL社製) に加え培養した。培養2日後に5nM メトトレキサート (SIGMA社製) ならびに10%ウシ胎児血清を含むCH

O-S-S FM II (GIBCO BRL 社製) にて培養した。得られたクローンについて発現量の高いクローンを 12B5一本鎖 Fv の產生細胞株として選択した。5 nM メトトレキサート (SIGMA 社製) を含む無血清培地 CHO-S-S FM II (GIBCO BRL 社製) にて培養後、培養上清を集め、遠心分離により細胞破片を除去して培養上清を得た。

7.5 CHO細胞產生の12B5由来の一本鎖Fvの精製

7.4 で得られた 12B5一本鎖 Fv 発現 CHO 產生株の培養上清からの精製は、抗 FLAG 抗体カラム及びゲル濾過カラムにより行った。

(1) 抗 FLAG 抗体カラム

培養上清は、PBS で平衡化した抗 FLAG M2 アフィニティーゲル (SIGMA 社製) に添加した。同緩衝液でカラムを洗浄後、緩衝液を 0.1M グリシン塩酸緩衝液 (pH 3.5) でカラムに吸着した蛋白質を溶出した。溶出画分は、溶出後直ちに 1M トリス塩酸緩衝液 (pH 8.0) を加えて中和した。SDS-PAGE で溶出画分を分析し、一本鎖 Fv が確認された画分を Centricon-10 (MILLIPORE 社製) を用いて濃縮した。

(2) ゲル濾過

(1) の濃縮液は、0.01% Tween 20 を含む PBS で平衡化した Superdex 200 カラム (10 × 300 mm、AMERSHAM PHARMACIA 社製) に添加した。

sc 12B5 は 2 つのピーク (A、B) に分かれて溶出した (図 48 を参照)。画分 A、B を 14% - SDS - ポリアクリルアミドゲルを用いて分析した。サンプルを還元剤添加、非添加で処理し、Lane 1 ～ 4 の方法に準じて電気泳動を行い、泳動後蛋白質をクマシーブリリアントブルー染色した。図 49 に示すように、画分 A、B いずれも還元剤の添加の有無に関わらず、見かけ上の分子量約 31 kD に単一バンドを与えた。画分 A 及び B を Superdex 200 PC 3.2 / 30 (3.2 × 300 mm、AMERSHAM PHARMACIA 社製) を用いたゲル濾過により分析した結果、画分 A では見かけ上の分子量約 44 kD、画分 B では同 22 kD に溶出された (図 50a 及び b を参照)。以上の結果から、画分 A は sc 12B

5一本鎖F_vの非共有結合性ダイマーで、Bはモノマーである。

7. 6 各種一本鎖F_vのTPO様アゴニスト活性の測定

ヒトTPO受容体(MPL)を発現するBa/F3細胞(BaF/mp1)に対する増殖活性を測定することによって、抗MPL一本鎖抗体のTPO様活性を評価した。

5 BaF/Mp1細胞を、1%ウシ胎児血清(GIBCO社製)を含む RPMI 1640培地(GIBCO社製)で2回洗浄したのち、 5×10^5 細胞/mlの細胞密度になるよう培地に懸濁した。抗MPL一本鎖抗体またはヒトTPO(R&D Systems社製)を培地で適当に希釈し、細胞懸濁液50μlに抗体またはヒトTPO希釈液50μlを加えて96穴マイクロウェル平底プレート(Falcon社製)に分注し、
10 CO₂インキュベーター(CO₂濃度：5%)で24時間培養した。培養後、WST-8試薬(生細胞数測定試薬S F：ナカライトスク社製)を10μl加え、直後に蛍光吸光光度計SPECTRA Fluor(TECAN社製)を用いて測定波長450nm、対照波長620nmの吸光度を測定した。CO₂インキュベーター(CO₂濃度：5%)で2時間インキュベートした後、SPECTRA Fluorを用いて再度測定波長450nm、対照波長620nmの吸光度を測定した。WST-8試薬は生細胞数に応じて波長450nmの発色反応を呈することから、2時間の吸光度変化を指標にBaF/Mp1増殖活性を次のように算出したED50値により評価した。
15 先ず、縦軸を吸光度、横軸を抗体濃度とし、その増殖反応曲線がプラトーに達した吸光度を反応率100%とした。反応率50%付近の数値に基づく直線近似により近似式を得て、これから反応率50%となる抗体濃度を算出し、これをED50値とした。

各種12B5抗体分子を発現させたCOS-7細胞の培養上清を用い、MPLに対するアゴニスト活性を測定した結果、図51に示すように抗原結合部位が二価である12B5 IgGでは濃度依存的に吸光度の上昇が認められTPO様のアゴニスト活性を示したのに対し(ED50；29nM)、抗原結合部位が一価である12B5Fabのアゴニスト活性は非常に弱いものであった(ED50；34,724nM)。それに対し、Fabと同様に抗原結合部位が一価である一本鎖F_v(sc12B5)においてはED50値が75nMと強いアゴニスト活性が認め

られた。しかしながら、一本鎖 Fv では H鎖、L鎖各可変領域は非共有結合で介合しているために、溶液中で各可変領域が解離し他の分子の可変領域と介合し二量体等の多量体を形成することが知られている。そこで、ゲルfiltration を用い精製 s c 1 2 B 5 の分子量を測定した結果、確かに単量体（モノマー）と二量体（ダイマー）と考えられる分子が認められた（図 4 8 を参照）。続いて、モノマーとダイマーの s c 1 2 B 5 をそれぞれ単離し（図 5 0 を参照）、それらの MPLに対するアゴニスト活性を測定した結果、図 5 1 及び 5 2 に示すように s c 1 2 B 5 モノマーでは ED50 値が 4 4 3 8. 7 nM と COS-7 細胞の培養上清を用いた結果に比べ、アゴニスト活性の減弱が確認された。それに対し、二価の抗原結合部位を持つ一本鎖 Fv（s c 1 2 B 5 ダイマー）では一価の s c 1 2 B 5 に対し約 4 0 0 倍強いアゴニスト活性を示した（ED50； 1 0. 1 nM）。さらに、二価の一本鎖 Fv ではヒト TPO ならびに 1 2 B 5 IgG のアゴニスト活性と同等もしくはそれ以上のアゴニスト活性を示した。

実施例 8 （ヒト MPLに対するヒト抗体 1 2 E 1 0 可変領域をコードする遺伝子の構築）

ヒト MPLに対するヒトモノクローナル抗体 1 2 E 1 0 の可変領域をコードする DNA を次のようにして構築した。

8. 1 1 2 E 1 0 H鎖可変領域をコードする遺伝子の構築

ヒト MPL に結合するヒト抗体 1 2 E 1 0 H鎖可変領域をコードする遺伝子は WO 9 9 / 1 0 4 9 4 に記載のアミノ酸配列（配列番号 8 5）を基に配列番号 8 6 に示す塩基配列を設計した。さらに、その 5' 端にヒト抗体遺伝子由来のリーダー配列（配列番号 8 7）（GenBank accession No. AF062252）を連結させることで全長の塩基配列を設計した。設計した塩基配列はそれぞれ 1 5 bp のオーバーラップ配列を持つように 4 本のオリゴヌクレオチド（1 2 E 1 0 VH1、1 2 E 1 0 VH2、1 2 E 1 0 VH3、1 2 E 1 0 VH4）に分割し、1 2 E 1 0 VH1（配列番号： 8 8）及び 1 2 E 1 0 VH3（配列番号： 9 0）はセンス方向で、1 2 E 1 0 VH2（配列番号： 8 9）及び 1 2 E 1 0 VH4（配列番号： 9 1）はアンチセンス方向でそれぞれ合成した。各合

成オリゴヌクレオチドはそれぞれの相補性によりアッセンブリさせた後、外側プライマー（12E10VHS及び12E10VHA）を加え、全長の遺伝子を増幅した。なお、12E10VHS（配列番号：92）は前方プライマーでリーダー配列の5'端にハイブリダイズし、且つHindIII制限酵素認識配列ならびにコザック配列を持つように、また12E10VHA（配列番号：93）は後方プライマーでH鎖可変領域のC末端をコードする塩基配列にハイブリダイズし、且つスプライスドナー配列ならびにBamHI制限酵素認識配列を持つようにそれぞれ設計した。

PCR溶液100μlは、10μlの10×PCR Gold Buffer II、1.5mM MgCl₂、0.08mM dNTPs (dATP, dGTP, dCTP, dTTP)、5ユニットのDNAポリメラーゼAmplicaq Gold（以上PERKIN ELMER社製）、2.5ピコモルずつの合成オリゴヌクレオチド12B5VH-1～4を含有し、94℃の初期温度にて9分間そして次に94℃にて2分間、55℃にて2分間及び72℃にて2分間のサイクルを2回反復した後、100pmoleずつの外側プライマー12E10VHS及び12E10VHAを加え、さらに94℃にて30秒間、55℃にて30秒間及び72℃にて1分間のサイクルを35回反復した後、反応混合物を更に72℃で5分間加熱した。

PCR生成物は1.5%低融点アガロースゲル（Sigma社製）を用い精製した後、制限酵素BamHI及びHindIIIで消化し、ヒトH鎖発現ベクター-HEF-gY1にクローニングした。DNA配列決定の後、正しいDNA配列を有するDNA断片を含むプラスマミドをHEF-12E10H-gY1と命名した。

さらに、HEF-12E10H-gY1を制限酵素EcoRIならびにBamHIで消化し、12E10VHをコードする遺伝子を調製した後、ヒトFabH鎖発現ベクター-pCOS-Fdに挿入しpFd-12E10Hを得た。なお、ヒトFabH鎖発現ベクターはヒト抗体H鎖V領域と定常領域をコードする遺伝子間に存在するインtron領域ならびにヒトH鎖定常領域の一部をコードする遺伝子を含むDNA（配列番号63）についてPCR法を用いて増幅した後、動物細胞

発現用ベクター pCOS1 に挿入することで構築したベクターである。ヒト H鎖定常領域は H EF - gY1 を鋳型とし、上記と同様の条件下にて遺伝子の増幅を行い、前方プライマーとしてイントロン 1 の 5' 端の配列とハイブリダイズし、且つ EcoRI 及び BamHI 制限酵素認識配列を有するように設計した G1CH1
5 - S (配列番号 64) を、後方プライマーとしてヒト H鎖定常領域 CH1 ドメインの 3' 端の DNA にハイブリダイズし、且つヒンジ領域の一部をコードする配列、二個の停止コドンおよび BglII 制限酵素認識部位を有するように設計した G1CH1 - A (配列番号 65) を用いた。

10 プラスミド H EF - 12E10H - gY1 及び pFd - 12E10H に含まれる再構成 12E10H 鎖可変領域の塩基配列及びアミノ酸配列を配列番号 : 94 に示す。

8. 2 12E10L 鎖可変領域をコードする遺伝子の構築

ヒト MPL に結合するヒト抗体 12E10L 鎖可変領域をコードする遺伝子は WO 99/10494 に記載のアミノ酸配列 (配列番号 95) を基に配列番号 9 15 6 に示す塩基配列を設計した。さらに、その 5' 端にヒト抗体遺伝子由来のリーダー配列 (配列番号 97) (Mol. Immunol. 1992; 29: 1515 - 1518) を連結させることで設計した。設計した塩基配列は上記と同様にそれぞれ 15 bp のオーバーラップ配列を持つように 4 本のオリゴヌクレオチド (12E10VL1, 12E10VL2, 12E10VL3, 12E10VL4) に分割し、それぞれ合成した。12E10VL1 (配列番号 : 98) 及び 12E10VL3 (配列番号 : 100) はセンス配列、12E10VL2 (配列番号 : 99) 及び 12E10VL4 (配列番号 : 101) はアンチセンス配列を有し、各合成オリゴヌクレオチドはそれぞれの相補性によりアッセンブリさせた後、外側プライマー (12E10VLS 及び 12E10VLA) を加え、全長の遺伝子を増幅した。なお、12E10VLS (配列番号 : 102) は前方プライマーでリーダー配列の 5' 端にハイブリダイズし、且つ EcoRI 制限酵素認識配列ならびにコザック配列を持つように、また 12E10VLA (配列番号 : 103) は後方プライマーで L 鎖可変領域の C 末端をコードする塩基配列にハイブリダイズし、

且つB1nI制限酵素認識配列を持つようにそれぞれ設計した。

PCR反応は上記と同様を行い、PCR生成物は1.5%低融点アガロースゲル(Sigma社製)を用い精製した後、制限酵素EcoRI及びB1nIで消化し、ヒトラムダ鎖定常領域遺伝子を含有するpUC19ベクターにクローニングした。

5 DNA配列決定の後、正しいDNA配列を有するDNA断片を含むプラスミドを制限酵素EcoRIで消化し、12E10L鎖可変領域及びヒトラムダ鎖定常領域をコードする遺伝子を調製し、さらに発現ベクターpCOS1に挿入し、12E10L鎖遺伝子(配列番号:104)を持つプラスミドをpCOS-12E10Lと命名した。

10 8. 3 再構成12E10一本鎖Fvの作製

再構成12E10抗体一本鎖Fvは12E10 VH-リンカー-12E10 VLの順とし、そのC末端には検出及び精製を容易にするためにFLAG配列(配列番号:105)を付加することで設計した。リンカー配列は(Gly₄Ser)₃の15アミノ酸からなるリンカー配列、またはを(Gly₄Ser)₁の5アミノ酸からなるリンカー配列用い、再構成12E10鎖Fv(scat2E10およびdb12E10)を構築した。

(1) 5アミノ酸からなるリンカー配列を用いた再構成12E10一本鎖Fvの作製

5アミノ酸からなるリンカー配列を用いた再構成12E10一本鎖Fvをコードする遺伝子は12E10H鎖V領域をコードする遺伝子の3'端、及び12E10L鎖V領域をコードする遺伝子の5'端に(Gly₄Ser)₁からなるリンカーをコードする塩基配列を付加させた遺伝子についてそれぞれPCR法を用いて増幅し、連結することにより構築した。再構成12E10一本鎖Fvの作製のために4個のPCRプライマー(A~D)を使用した。プライマーA及びCはセンス配列を有し、プライマーBおよびDはアンチセンス配列を有する。

H鎖V領域のための前方プライマーは12E10S(プライマーA、配列番号:106)を用い、H鎖V領域のための後方プライマーDB2(プライマーB、配列番号:107)は、H鎖V領域のC末端をコードするDNAにハイブリダイ

ズし、且つ (G l y₄S e r) ₁ からなるリンカーをコードする塩基配列ならびに L鎖V領域のN末端をコードする塩基配列を有するように設計した。

L鎖V領域のための前方プライマーDB 1 (プライマーC、配列番号: 10 8) はL鎖V領域のN末端をコードするDNAにハイブリダイズし、且つ (G l y₄S e r) ₁ からなるリンカーをコードする塩基配列ならびにH鎖V領域のC末端をコードする塩基配列を有するように設計した。L鎖V領域のための後方プライマーは12E10FA (プライマーD、配列番号: 109) はL鎖可変領域C末端をコードするDNAにハイブリダイズし、且つFLAGをコードする塩基配列を有し、さらにN o t I 制限酵素認識部位を有するように設計した。

第一PCR段階において2つの反応A-B及びC-Dを行い、そして第一PCRから得られた2つのPCR生成物をそれら自体の相補性によりアッセンブリさせた。次に、プライマーA及びDを加えて、5アミノ酸からなるリンカーを用いた再構成12E10一本鎖Fvをコードする全長DNAを増幅した (第二PCR)。なお、第一PCRにおいては、再構成12E10H鎖V領域をコードするプラスミドHEF-12E10H-gY1 (実施例8. 1を参照) 及び再構成12E10L鎖V領域をコードするプラスミドpCOS-12E10L (実施例8. 1を参照) をそれぞれ鋳型として用いた。

第一PCR段階の溶液50μlは、5μlの10×PCR Gold Buffer II、1.5mM MgCl₂、0.08mM dNTPs、5ユニットのDNAポリメラーゼAmpliciTaq Gold (以上PERKIN ELMER社製)、100ピコモルずつの各プライマー及び100ngの各鋳型DNAを含有し、94℃の初期温度にて9分間そして次に94℃にて30秒間、55℃にて30秒間及び72℃にて1分間のサイクルを35回反復した後、反応混合物を更に72℃で5分間加熱した。

PCR生成物A-B (429bp) 及びC-D (395bp) は第二PCRでアッセンブリした。第二PCRにおいて、鋳型として1μLずつの第一PCR反応物A-B及びPCR反応物C-D、100ピコモルずつの各プライマー、10μlの10×PCR Gold Buffer II、1.5mM MgCl₂、0.08

mM dNTPs、5ユニットのDNAポリメラーゼAmp 1 i Taq Gold (以上PERKIN ELMER 社製) を含有する98μlのPCR混合液を、上記と同様の条件下で反応させた。

第二PCRにより生じた795bpのDNA断片について1. 5%低融点アガロースゲルを用いて精製した後、Eco RI及びNot Iで消化し、得られたDNA断片をpCHO1ベクターまたはpCOS1ベクターにクローニングした。なお、本発現ベクターpCHO1は、DHFR-ΔE-RVH-PM1-f (WO 92/19759参照) から、Eco RI及びSma I消化により抗体遺伝子を削除し、Eco RI-Not I-BamHI Adapter (宝酒造社製) を連結することにより構築したベクターである。DNA配列決定の後、再構成12B5一本鎖Fvの正しいアミノ酸配列をコードするDNA断片を含むプラスミドをpCHO-db12E10、及びpCOS-db12E10と命名した。本プラスミドpCHO-db12E10及びpCOS-db12E10に含まれる再構成12E10一本鎖Fvの塩基配列及びアミノ酸配列を配列番号：110に示す。

(2) 15アミノ酸からなるリンカー配列を用いた再構成12E10一本鎖Fvの作製

15アミノ酸からなるリンカー配列を用いた再構成12E10一本鎖Fvをコードする遺伝子は12E10H鎖V領域をコードする遺伝子の3'端、及び12E10L鎖V領域をコードする遺伝子の5'端にそれぞれ(Gly₄Ser)₃からなるリンカーをコードする塩基配列を附加させた遺伝子について、それぞれPCR法を用いて増幅し、連結することにより構築した。再構成12E10一本鎖Fvの作製のために4個のPCRプライマー(A～D)を使用した。プライマーA及びCはセンス配列を有し、プライマーBおよびDはアンチセンス配列を有する。

25 H鎖V領域のための前方プライマーは12E10S (プライマーA、配列番号：106) を用い、H鎖V領域のための後方プライマースc4.3 (プライマーB、配列番号：111) は、H鎖V領域のC末端をコードするDNAにハイブリダイズし、且つ(Gly₄Ser)₃からなるリンカーをコードする塩基配列なら

びにL鎖V領域のN末端をコードする塩基配列を有するように設計した。

L鎖V領域のための前方プライマー s c 1 . 3 (プライマーC、配列番号: 1 1 2) はL鎖V領域のN末端をコードするDNAにハイブリダイズし、且つ(G 1 y, S e r), 3からなるリンカーをコードする塩基配列ならびにH鎖V領域のC末端をコードする塩基配列を有するように設計した。L鎖V領域のための後方プライマーは1 2 E 1 0 F A (プライマーD、配列番号: 1 0 9) はL鎖可変領域C末端をコードするDNAにハイブリダイズし、且つF L A Gをコードする塩基配列を有し、さらにN o t I 制限酵素認識部位を有するように設計した。

第一PCR段階において2つの反応A-B及びC-Dを行い、そして第一PCRから得られた2つのPCR生成物をそれら自体の相補性によりアッセンブリさせた。次に、プライマーA及びDを加えて、15アミノ酸からなるリンカーを用いた再構成1 2 E 1 0一本鎖F vをコードする全長DNAを増幅した(第二PCR)。なお、第一PCRにおいては、再構成1 2 E 1 0一本鎖F vをコードするプラスミドpCOS-d b 1 2 E 1 0 (実施例8.1 (1)を参照)を鋳型として用いた。

第一PCR段階の溶液50μlは、5μlの10×ExTaq Buffer、0.4mM dNTPs、2.5ユニットのDNAポリメラーゼTakara ExTaq (以上宝酒造社製)、100ピコモルずつの各プライマー及び10ngの各鋳型DNAを含有し、94°Cの初期温度にて30秒間そして次に94°Cにて15秒間及び72°Cにて2分間のサイクルを5回、94°Cにて15秒間及び70°Cにて2分間のサイクルを5回、94°Cにて15秒間及び68°Cにて2分間のサイクルを28回反復した後、反応混合物を更に72°Cで5分間加熱した。

PCR生成物A-B (477bp) 及びC-D (447bp) は第二PCRでアッセンブリした。第二PCRにおいて、鋳型として1μLずつの第一PCR反応物A-B及びPCR反応物C-D、100ピコモルずつのプライマーA及びD、5μlの10×ExTaq Buffer、0.4mM dNTPs、2.5ユニットのDNAポリメラーゼTakara ExTaq (以上宝酒造社製)を混合し、上記と同様の条件下で反応させた。

第二PCRにより生じた825bpのDNA断片について1.0%低融点アガロースゲルを用いて精製し、EcoRI及びNotIで消化し、得られたDNA断片をpCHO1ベクターまたはpCOS1ベクターにクローニングした。DNA配列決定の後、再構成12E10一本鎖Fvの正しいアミノ酸配列をコードするDNA断片を含むプラスミドをpCHO-sc12E10及びpCOS-sc12E10と命名した。本プラスミドpCHO-sc12E10及びpCOS-sc12E10に含まれる再構成12E10一本鎖Fvの塩基配列及びアミノ酸配列を配列番号：113に示す。

8.4 動物細胞を用いた各12E10抗体(IgG、Fab)及び一本鎖Fv 10 ポリペプチドの発現

12E10抗体(IgG、Fab)ならびに12E10抗体由来の一本鎖Fv(リンカー配列5アミノ酸、15アミノ酸)はCOS-7細胞もしくはCHO細胞を用い発現させた。

COS-7細胞を用いた一過的な発現は次のようにして行った。すなわち、Gene Pulser II装置(BioRad社製)を用いたエレクトロポレーション法により遺伝子導入した。12E10抗体(IgG)の発現には前述の発現ベクター-HEF-12E10H-gγ1及びpCOS-12E10L各10μgずつを、12E10Fab断片の発現にはpFd-12E10HとpCOS-12E10L各10μgずつを、一本鎖Fvの発現にはpCOS-sc12E10(10μg)またはpCOS-db12E10(10μg)をPBSに懸濁したCOS-7細胞(1×10⁷細胞/ml)0.8mlに混合したものをキュベットに加え、1.5kV、25μFDの容量にてパルスを与えた。室温にて10分間の回復期間の後、エレクトロポレーション処理された細胞を、10%のウシ胎児血清を含有するDMEM培地(GIBCO BRL社製)に加え培養した。終夜培養後、細胞をPBSで一回洗浄し、さらに無血清培地CHO-S-SFMII培地(GIBCO BRL社製)を加え、さらに3日間培養した。培養上清を遠心し細胞破碎物を除去した後、0.22μmのフィルターを通過することで調製した。

また、12E10抗体由来の一本鎖Fv(ポリペプチド)の恒常的発現CHO

細胞株を樹立するため、pCHO-s c 1 2 E 1 0 または pCHO-d b 1 2 E 1 0 発現ベクターをそれぞれCHO細胞に遺伝子導入した。

各発現ベクターを、Gene Pulser II 装置 (BioRad 社製) を用いたエレクトロポレーション法によりCHO細胞に遺伝子導入した。Pvu I 消化により直鎖状にしたDNA (100 µg) と PBS に懸濁したCHO細胞 (1×10^7 細胞/ml) の0.8mlを混合したものをキュベットに加え、氷中で10分間静置した後、1.5 kV、25 µFD の容量にてパルスを与えた。室温にて10分間の回復期間の後、エレクトロポレーション処理された細胞を、10%の透析ウシ胎児血清ならびに核酸を含有するCHO-S-SFMII 培地 (GIBCO BRL 社製) に加え培養した。培養2日後に10%の透析ウシ胎児血清を含有する核酸不含CHO-S-SFMII 培地 (GIBCO BRL 社製) にて培養した。得られたクローンについて発現量の高いクローンを12E10一本鎖Fvの产生細胞株として選択した。この細胞株を無血清培地CHO-S-SFMII 培地 (GIBCO BRL 社製) にて培養後、培養上清を集め、遠心分離により細胞破片を除去後に、0.22 µmのフィルターを通すことで培養上清を調製した。

8. 5 CHO細胞產生の12E10由來の一本鎖Fvの精製

実施例8. 4で得た一本鎖Fv 発現CHO 產生株 (s c 1 2 E 1 0, d b 1 2 E 1 0) それぞれの培養上清から抗FLAG抗体カラム、及びゲルろ過カラムを用いて一本鎖Fvを精製した

20 (1) 抗FLAG抗体カラムを用いた精製

培養上清 (s c 1 2 E 1 0, d b 1 2 E 1 0) を、それぞれ150 mM NaCl を含む50 mM トリス-塩酸緩衝液 (pH 7.4) にて平衡化した抗FLAG M2 アフィニティゲル (Sigma 社製) カラムに添加し、同緩衝液でカラムを洗浄後、100 mM グリシン緩衝液 (pH 3.5) でカラムに吸着した蛋白質を溶出した。溶出画分は直ちに1M トリス-塩酸緩衝液 (pH 8.0) を加えて中和した。SDS-PAGE で各溶出画分を分析し、一本鎖Fvが確認された画分を、それぞれプールし、Centricon-10 (Amicon 社製) を用いて約20倍濃縮した。

(2) ゲルろ過

(1) の画分を、0.01% Tween 20含むPBSで平衡化したSuperdex 200HRカラム(10 x 300mm, Amersham Pharmacia社製)に添加した。クロマトグラムを図53および54に示す。その結果、
5 sc12E10においては2つのピーク(A, B)が検出された(図53)。また、
db12E10では、2つのピーク(C, D)が検出された(図54)。それぞれ
のピーク画分を分取し、還元剤添加、非添加で処理し、Laemmliの方法に
準じて電気泳動を行い、泳動後蛋白質をクマシーブリリアントブルー染色した。
図55に示すように、画分A、画分B、画分C、画分Dいずれも還元剤の添加の
10 有無に関わらず、見かけ上の分子量約31kDに単一バンドを与えた。これらの
画分を、前述のSuperdex 200HRカラムを用いたゲルろ過で分析した
結果、画分Aは見かけ上の分子量約20kD、画分Bは同42kDに溶出された
15 (図56を参照)。一方、画分Cは見かけ上の分子量約69kD、画分Dは同41
kDに溶出された(図57を参照)。以上の結果から、sc12E10由来の画分
Aは一本鎖Fvの非共有結合性ダイマーで、画分Bは一本鎖Fvのモノマーであ
り、また、db12E10由来の画分Cは一本鎖Fvの非共有結合性トリマー、
20 画分Dは一本鎖Fvの非共有結合性ダイマーであることが示唆された。

8. 6 各種一本鎖FvのTPO様アゴニスト活性の測定

ヒトTPO受容体(MPL)を発現するBa/F3細胞(BaF/mp1)に対する増
殖活性を測定することによって、抗mp1一本鎖抗体のTPO様活性の評価を行
20 った。

BaF/mp1細胞を、1%ウシ胎児血清(GIBCO社製)を含む RPMI 164
0培地(GIBCO社製)で2回洗浄したのち、 5×10^5 細胞/mLの細胞密度にな
るよう培地に懸濁した。抗MPL一本鎖抗体またはヒトTPO(R&D Systems
25 社製)を培地で適当に希釈し、細胞懸濁液50μLに抗体またはヒトTPO希釈液
50μLを加えて96穴マイクロウェル平底プレート(Corning社製)に分注し、
CO₂インキュベーター(CO₂濃度:5%)で24時間培養した。培養後、WS
T-8試薬(生細胞数測定試薬S-F:ナカライトスク社製)を10μL加え、直後

に吸光光度計 Benchmark Plus (BioRad 社製) を用いて測定波長 450 nm、対照波長 655 nm の吸光度を測定した。CO₂ インキュベーター (CO₂ 濃度: 5%) で 2 時間インキュベートした後、Benchmark Plus を用いて再度測定波長 450 nm、対照波長 655 nm の吸光度を測定した。WST-8 試薬は生細胞数に応じて波長 450 nm の発色反応を呈することから、2 時間の吸光度変化を指標に B a F/m p 1 細胞増殖活性を評価した。

各種 12E10 抗体分子を発現させた COS-7 細胞の培養上清を用い、MPL に対するアゴニスト活性を測定した結果を図 58 に示す。リンカー配列 5 アミノ酸 (db12E10) および 15 アミノ酸 (sc12E10) の一本鎖 Fv では濃度依存的に吸光度の上昇が認められ、TPO 様のアゴニスト活性を示したのに対し (ED50; それぞれ 9 pM および 51 pM)、12E10 IgG および 12E10 Fab では全く活性が認められなかった。

一本鎖 Fv はリンカー配列の長さによっては、H鎖と L 鎖が分子内だけでなく、分子間でも介合することによって二量体等の多量体を形成することが知られている。そこで、12E10 一本鎖 Fv を発現させた CHO 細胞の培養上清をゲルろ過分画して、MPL に対するアゴニスト活性を測定した。その結果を図 59 に示す。sc12E10 中にわずかに含まれる二量体 (sc12E10 ダイマー、ED50; 1.9 pM) は単量体 (sc12E10 モノマー、ED50; >10 nM) に比べて、5000 倍以上強い TPO 様アゴニスト活性を示し、その活性は TPO (ED50; 27 pM) よりも強かった。また、db12E10 の二量体 (db12E10 ダイマー、ED50; 2.0 pM) は sc12E10 ダイマーとほぼ同等の強い活性を示した。ゲルろ過分子量から三量体と推定された db12E10 トリマー (ED50; 7.4 pM) も db12E10 ダイマーには劣るが高い活性を示した。以上の結果から、アゴニスト抗体 12E10 の活性には、抗原結合部位が二価 (ダイマー) であることが重要と考えられるが、12E10 IgG には活性が見られなかったことから、単に二価であるだけでなく、抗原結合部位間の距離や角度といった要素も重要なと推測される。

図面の簡単な説明

図1. ヒトIgG1抗体が、ヒトIAPを発現するL1210細胞(hIAP/L1210)に結合しないことを示すフローサイトメトリーの結果を示す図である。

5 図2. キメラMABL-1抗体が、ヒトIAPを発現するL1210細胞(hIAP/L1210)に特異的に結合することを示すフローサイトメトリーの結果を示す図である。

図3. キメラMABL-2抗体が、ヒトIAPを発現するL1210細胞(hIAP/L1210)に特異的に結合することを示すフローサイトメトリーの結果を示す図である。

10 図4. 本発明にかかる一本鎖Fvの作成方法を模式的に示す図である。

図5. 本発明の一本鎖FvをコードするDNAを、大腸菌にて発現させるために使用可能な発現プラスミドの一例の構造を示す。

図6. 本発明の一本鎖FvをコードするDNAを、哺乳動物細胞にて発現させるために使用する発現プラスミドの一例の構造を示す。

15 図7. 実施例5. 4で得られたウエスタンプロットの結果を示す図である。左側より、分子量マーカー(上から97.4、66、45、31、21.5、14.5kDaを示す)、pCHO1導入COS7細胞培養上清、pCHOM2導入細胞培養上清。pCHOM2導入細胞培養上清に再構成MABL-2抗体一本鎖Fv(矢印)が明らかに含まれていることを示す。

20 図8. コントロールとしてのpCHO1/COS7細胞培養上清の抗体は、コントロールとしてのpCOS1/L1210細胞には結合しないことを示すフローサイトメトリーの結果を示す図である。

図9. MABL2-scFv/COS7細胞培養上清の抗体は、コントロールとしてのpCOS1/L1210細胞には結合しないことを示すフローサイトメトリーの結果を示す図である。

25 図10. コントロールとしてのpCOS1/COS7細胞培養上清の抗体は、hIAP/L1210細胞に結合しないことを示すフローサイトメトリーの結果を

示す図である。

図11. MABL2-scFv/COS7細胞培養上清の抗体は、hIAP/L1210細胞に特異的に結合することを示すフローサイトメトリーの結果を示す図である。

5 図12. 実施例5. 6で示すCompetitive ELISAの結果を示す図であり、本発明の一本鎖Fv (MABL2-scFv) の抗原結合活性を、コントロールとしてのpCHO1/COS7細胞培養上清と比較して、マウスモノクローナル抗体MABL-2の抗原結合に対する阻害を指標として示す図である。

10 図13. 実施例5. 7のアポトーシス誘起効果の結果を示す図であり、コントロールとしてのpCOS1/L1210細胞には、コントロールとしてのpCHO1/COS7細胞培養上清抗体はアポトーシスを誘起しないことを示す。

15 図14. 実施例5. 7のアポトーシス誘導効果の結果を示す図であり、コントロールとしてのpCOS1/L1210細胞には、MABL2-scFv/COS7細胞培養上清抗体はアポトーシスを誘起しないことを示す。

20 図15. 実施例5. 7のアポトーシス誘導効果の結果を示す図であり、hIAP/L1210細胞には、コントロールとしてのpCHO1/COS7細胞培養上清抗体はアポトーシスを誘起しないことを示す。

25 図16. 実施例5. 7のアポトーシス誘導効果の結果を示す図であり、hIAP/L1210細胞に対し、MABL2-scFv/COS7細胞培養上清抗体が特異的にアポトーシスを誘起することを示す。

図17. 実施例5. 7のアポトーシス誘導効果の結果を示す図であり、CCR-F-CEM細胞には、コントロールとしてのpCHO1/COS7細胞培養上清抗体はアポトーシスを誘起しないことを示す (最終濃度50%)。

25 図18. 実施例5. 7のアポトーシス誘導効果の結果を示す図であり、CCR-F-CEM細胞に対し、MABL2-scFv/COS7細胞培養上清抗体が特異的にアポトーシスを誘起することを示す (最終濃度50%)。

図19. 実施例5. 9のCHO細胞產生のMABL-2抗体由来の一本鎖Fvの精製過程において、Blue-sepharoseカラムで得られた画分をハイドロキシアパタ

イトカラムを用いて精製した際のクロマトグラムを示す図であり、主要なピークとして画分A、画分Bが得られたことを示す。

図20. 実施例5. 9の(2)で得られた画分A、画分Bについてゲルfiltrationにより精製した結果を示す図であり、画分Aでは見かけ上の分子量約36kD、画分Bでは同76kDの位置に主要ピークが(それぞれA I及びB I)が溶出したことを示す。

図21. 実施例5. 9のCHO細胞産生のMABL-2抗体由来の一本鎖Fvの精製過程において得られた画分をSDS-PAGEで分析した図であり、何れも分子量約35kDに单一のバンドのみであることを示す。

図22. CHO細胞産生のMABL-2抗体由来の一本鎖Fvの精製において得られた画分A I及びB Iをゲルfiltrationにより分析した結果を示す図であり、画分A Iはモノマーからなり、画分B Iはダイマーからなることを示す。

図23. 本発明の一本鎖FvをコードするDNAを、大腸菌の菌体内にて発現させるために使用可能な発現プラスミドの一例の構造を示す。

図24. 実施例5. 12の大腸菌細胞産生のMABL-2抗体由来の一本鎖Fvポリペプチドの精製において、得られた粗製物をゲルfiltrationカラムを用いて精製した結果を示す図であり、各ピークはそれぞれ大腸菌細胞産生の一本鎖Fvのモノマー、ダイマーを示す。

図25. 実施例5. 13のアポトーシス誘起効果の結果を示す図であり、hIA P/L1210細胞には、コントロールとしてのマウスIgG抗体はアポトーシスを誘起しないことを示す(最終濃度3μg/ml)。

図26. 実施例5. 13のアポトーシス誘起効果の結果を示す図であり、hIA P/L1210細胞に対し、CHO細胞産生のMABL2-scFvダイマーが顕著にアポトーシスを誘起することを示す(最終濃度3μg/ml)。

図27. 実施例5. 13のアポトーシス誘起効果の結果を示す図であり、hIA P/L1210細胞に対し、大腸菌細胞産生のMABL2-scFvダイマーが顕著にアポトーシスを誘起することを示す(最終濃度3μg/ml)。

図28. 実施例5. 13のアポトーシス誘起効果の結果を示す図であり、hIA

P/L1210細胞には、CHO細胞產生のMABL2-scFvモノマーのアポトーシス誘起作用がコントロールと同程度であることを示す（最終濃度3μg/m1）。

図29. 実施例5. 13のアポトーシス誘起効果の結果を示す図であり、hIA

5 P/L1210細胞には、大腸菌細胞產生のMABL2-scFvモノマーのアポトーシス誘起作用がコントロールと同程度であることを示す（最終濃度3μg/m1）。

図30. 実施例5. 13のアポトーシス誘起効果の結果を示す図であり、hIA

10 P/L1210細胞には、コントロールとしてのマウスIgG抗体は抗FLAG抗体の添加によってもアポトーシスを誘起しないことを示す（最終濃度3μg/m1）。

図31. 実施例5. 13のアポトーシス誘起効果の結果を示す図であり、hIA

15 P/L1210細胞に対し、CHO細胞產生のMABL2-scFvモノマーが抗FLAG抗体の添加によって顕著にアポトーシスを誘起することを示す（最終濃度3μg/m1）。

図32. ヒト骨髄腫細胞株KPMM2を移植したマウスの血清中のヒトIgG量を定量したものであり、マウスにおけるヒト骨髄腫により產生されるヒトIgGの量を測定した結果を示す図であり、scFv/CHOダイマーがKPMM2細胞の増殖を非常に強く抑制していることを示す。

20 図33. 腫瘍移植後のマウスの生存日数を表しており、scFv/CHOダイマー投与群において生存期間が顕著に延長されていることを示している。

図34. MABL-2抗体由来の2つのH鎖V領域及び2つのL鎖V領域を含む改変抗体[sc(Fv)₂]を発現するプラスミドの一例の構造を示す。

25 図35. [H鎖] - [L鎖]となるようにV領域を連結し、且つペプチドリンカーを含まないscFv(HLタイプ)を発現するプラスミドの一例の構造を示す。

図36. HLタイプのポリペプチドの構造およびペプチドリンカーのアミノ酸配列を示す。

図37. [L鎖] - [H鎖]となるようにV領域を連結し、且つペプチドリンカー

を含まない $s_c F_v$ (LHタイプ) を発現するプラスミドの一例の構造を示す。

図38. LHタイプのポリペプチドの構造およびペプチドリンカーのアミノ酸配列を示す。

図39. 実施例6. 4におけるウェスタンプロッティングの結果を示す図であり、

5 2つのH鎖V領域及び2つのL鎖V領域を含む改変抗体 $s_c (F_v)_2$ 及び種々の長さのペプチドリンカーを有するMABL-2抗体 $s_c F_v$ が発現していることを示す。

図40a及びb. 実施例6. 3 (1) にて調製したCOS7細胞培養上清を用いたフローサイトメトリーの結果を示す図であり、種々の長さのペプチドリンカーを有するMABL-2- $s_c F_v$ 及び $s_c (F_v)_2$ は、ヒトIAPに対して高い親和性を有することを示す。

図41. 実施例6. 6のアポトーシス誘導効果の結果を示す図であり、 $s_c F_v <HL 3, 4, 6, 7, LH 3, 4, 6, 7>$ 及び $s_c (F_v)_2$ は hIAP/L1-210細胞に対して顕著な細胞死を誘導することを示す。

15 図42. 実施例6. 10の抗原結合評価の結果を示す図であり、 $s_c F_v <HL 5>$ のダイマー及び $s_c (F_v)_2$ がヒトIAPに対して高い親和性を有すること示す。

図43. 実施例6. 11の in vitro アポトーシス誘起効果の結果を示す図であり、MABL-2- $s_c F_v <HL 5>$ のダイマー及びMABL-2- $s_c (F_v)_2$ は hIAP/L1-210、CCR-F-CEMの両細胞に対して濃度依存的に細胞死を誘導することを示す。

20 図44. ヒト骨髓腫細胞株KPMMM2を移植したマウスにおけるヒト骨髓腫により產生される血清中のMタンパク質の量を測定した結果を示す図であり、 $s_c F_v <HL-5>$ 及び $s_c (F_v)_2$ が KPMMM2 細胞の増殖を非常に強く抑制していることを示す。

25 図45. 腫瘍移植後のマウスの生存日数を表しており、 $s_c F_v <HL-5>$ 投与群において生存期間が顕著に延長されていることを示している。

図46. 腫瘍移植後のマウスの生存日数を表しており、 $s_c (F_v)_2$ 投与群におい

て生存期間が顕著に延長されていることを示している。

図47. 15アミノ酸からなるリンカー配列を含む再構成12B5一本鎖FvをコードするDNA断片の構築方法とその構造を概略的に示す。

図48. 実施例7.5(1)で得られた各12B5一本鎖Fvを、ゲルろ過により精製した結果を示す図であり、sc12B5では2つのピーク(画分A, B)に分かれた結果を示す。

図49. 実施例7.5(2)において、各画分AおよびBをSDS-PAGEにより分析した結果を示す。

図50. 実施例7.5(2)において、各画分AおよびBをSuperdex 200カラムにより分析した結果を示し、(a)画分Aでは見かけ上の分子量約44kDに、(b)画分Bでは同22kDの位置に主要ピークが溶出されたことを示す。

図51. sc12B5及び12B5抗体(IgG, Fab)のTPO様アゴニスト活性の測定結果を示し、12B5 IgG及び一価一本鎖Fv(sc12B5)は、濃度依存的にTPO様のアゴニスト活性を有することを示す。

図52. sc12B5モノマー及びダイマーのTPO様アゴニスト活性の測定結果を示し、二価の抗原結合部位を持つ一本鎖Fv(sc12B5ダイマー)は一価のsc12B5より約400倍以上強いアゴニスト活性を示し、その強さはヒトTPOと同等もしくはそれ以上であることを示す。

図53. 得られたsc12E10一本鎖抗体をSuperdex 200HRカラムを用いたゲルろ過クロマトグラフィーで精製した結果を示す図であり、12E10sc3では、2つのピーク(画分A, B)に分かれた結果を示す。

図54. 得られたdb12E10一本鎖抗体をSuperdex 200HRカラムを用いたゲルろ過クロマトグラフィーで精製した結果を示す図であり、12E10sc3では、2つのピーク(画分C, D)に分かれた結果を示す。

図55. 画分A, B(sc12E10)および画分C, D(db12E10)を還元、非還元条件下におけるSDS-PAGE分析した結果を示す。

図56. 画分A, Bを、Superdex 200HRカラムを用いたゲルろ過クロマトグラフィーで分析した結果を示す。(1)画分Aでは、見かけ上の分子量4

2 kDに(2)画分Bでは、同20 kDの位置に、主要ピークが溶出されたことを示す。

図57. 画分C, Dを、Superdex 200 HRカラムを用いたゲルろ過クロマトグラフィーで分析した結果を示す。(1)画分Cでは、見かけ上の分子量65 9 kDに(2)画分Bでは、同41 kDの位置に、主要ピークが溶出されたことを示す。

図58. 各種12E10抗体分子のMPLに対するアゴニスト活性を示すグラフであり、一本鎖Fv(sc12E10, db12E10)ではTPO様のアゴニスト活性を示したのに対し、12E10 IgGおよび12E10 Fabでは全く活性が認められなかったことを示す。

図59. sc12E10モノマーおよびダイマー、並びにdb12E10ダイマーおよびトリマーのMPLに対するアゴニスト活性を示すグラフであり、sc12E10ダイマー、db12E10ダイマーおよびトリマーのTPO様アゴニスト活性がTPOよりも強力であることを示す。

15

産業上の利用可能性

本発明の改変抗体は、細胞表面上の分子を架橋することにより該細胞内にシグナルを伝達しうるアゴニスト作用を有しており、また抗体分子(whole IgG)と比較して低分子化が達成されているため、組織、腫瘍への移行性に優れているという特徴を有している。さらに本発明によれば、TPOや親抗体(whole IgG)より顕著に高いアゴニスト活性を有する改変抗体が提供される。特に、親抗体分子でアゴニスト活性が認められない場合においてもTPOより高いアゴニスト活性を有する改変抗体が提供できる。従って、当該改変抗体はシグナル伝達アゴニストとして使用することができ、そして抗体分子を本発明の改変抗体にすることにより、細胞間の架橋などによる副作用を軽減し、且つ細胞表面上の分子を架橋して所望の作用のみを誘起しうる新規な医薬品が提供される。本発明の改変抗体を有効成分とする医薬製剤は、血小板減少が関与する血液疾患、癌や白血病等の化学治療後の血小板減少症などの予防及び/又は治療薬として有

用である。

請求の範囲

1. TPOレセプターを架橋することによりTPOアゴニスト作用を示す、抗体のH鎖V領域を2つ以上及びL鎖V領域を2つ以上含む改変抗体。
- 5 2. H鎖V領域及びL鎖V領域がリンカーを介して連結されている、請求項1記載の改変抗体。
3. リンカーが、少なくとも1個以上のアミノ酸からなるペプチドリンカーである、請求項2または3記載の改変抗体。
4. 改変抗体が、1つのH鎖V領域及び1つのL鎖V領域を含む一本鎖Fvの10 マルチマーから構成される請求項1～3のいずれか1項に記載の改変抗体。
5. 改変抗体が、一本鎖Fvのテトラマー、トリマーまたはダイマーから構成される請求項4に記載の改変抗体。
6. 改変抗体が、一本鎖Fvのダイマーから構成される請求項5に記載の改変抗体。
- 15 7. 同じ鎖上のH鎖V領域及びL鎖V領域は互いに連合して1つの抗原結合部位を形成していない、請求項4～6のいずれかに記載の改変抗体。
8. 改変抗体が、2つ以上のH鎖V領域及び2つ以上のL鎖V領域を含む一本鎖ポリペプチドである請求項1～3のいずれか1項に記載の改変抗体。
9. 改変抗体が、2つのH鎖V領域及び2つのL鎖V領域を含む一本鎖ポリペ10 チドである請求項8に記載の改変抗体。
- 20 10. 改変抗体が、さらにポリペプチド精製のためのアミノ酸配列を含む請求項1～9のいずれか1項に記載の改変抗体。
11. 改変抗体が精製されたものである、請求項1～10のいずれか1項に記載の改変抗体。
- 25 12. H鎖V領域及び／又はL鎖V領域が、ヒト抗体のH鎖V領域及び／又はL鎖V領域である請求項1～11のいずれか1項に記載の改変抗体。
13. H鎖V領域及び／又はL鎖V領域が、ヒト型化されたH鎖V領域及び／又はL鎖V領域である請求項1～11のいずれか1項に記載の改変抗体。

14. 改変抗体が、単一特異性 (mono-specific) の改変抗体である請求項1～13のいずれか1項に記載の改変抗体。

15. 改変抗体が、多価特異性 (multi-specific) の改変抗体である請求項1～13のいずれか1項に記載の改変抗体。

5 16. 改変抗体が、二重特異性 (bi-specific) の改変抗体である請求項15に記載の改変抗体。

17. L鎖V領域及びH鎖V領域が、同一のモノクローナル抗体由来である、請求項14に記載の改変抗体。

10 18. 親抗体と比較して同等以上のアゴニスト作用 (ED50 値) を示す、請求項1～17のいずれか1項に記載の改変抗体。

19. 親抗体と比較して2倍以上のアゴニスト作用 (ED50 値) を示す、請求項18に記載の改変抗体。

20. 親抗体と比較して10倍以上のアゴニスト作用 (ED50 値) を示す、請求項19に記載の改変抗体。

15 21. 親抗体がアゴニスト作用を実質的に有さない、請求項1～17のいずれか1項に記載の改変抗体。

22. トロンボポエチン (TPO) と比較して同等以上のTPOアゴニスト作用 (ED50 値) を示す、抗体のH鎖V領域を2つ以上及びL鎖V領域を2つ以上含む化合物。

20 23. TPOと比較して2倍以上のTPOアゴニスト作用 (ED50 値) を示す、請求項22に記載の化合物。

24. TPOと比較して10倍以上のTPOアゴニスト作用 (ED50 値) を示す、請求項23に記載の化合物。

25 25. TPOアゴニスト作用のED50 値が20 pM以下である請求項1～24のいずれか1項に記載の改変抗体または化合物。

26. TPOアゴニスト作用のED50 値が約10 pM以下である請求項25に記載の改変抗体または化合物。

27. TPOアゴニスト作用のED50 値が約2 pM以下である請求項26に記載の

改変抗体または化合物。

28. 親抗体と比較して、1/10 以下の細胞間接着作用 (ED50 値) を示す請求項

1～27 のいずれか 1 項に記載の改変抗体または化合物。

29. 細胞間接着作用を実質的に有さない請求項 1～27 のいずれか 1 項に記載

5 の改変抗体または化合物。

30. 請求項 1～29 のいずれか 1 項に記載の改変抗体または化合物をコードす

る DNA。

31. 請求項 1～29 のいずれか 1 項に記載の改変抗体または化合物を產生する動物細胞。

10 32. 請求項 1～29 のいずれか 1 項に記載の改変抗体または化合物を產生する微生物。

33. 請求項 1～29 のいずれか 1 項に記載の改変抗体または化合物の TPO アゴニストとしての使用。

15 34. 請求項 1～29 のいずれか 1 項に記載の改変抗体または化合物を用いて TPO レセプターを架橋することにより細胞内にシグナル伝達を起し、該細胞にアゴニスト作用を生じさせる方法。

35. TPO アゴニスト作用が、巨核球の増殖、分化誘導または成長の刺激、血小板の產生または TPO レセプタタンパク質のリン酸化である請求項 34 記載の方法。

20 36. 請求項 1～29 のいずれか 1 項に記載の改変抗体または化合物を有効成分として含む医薬。

37. 医薬が、血小板減少症の治療剤である請求項 36 記載の医薬。

38. 請求項 1～29 のいずれか 1 項に記載の改変抗体または化合物の医薬としての使用。

25 39. TPO レセプターを架橋することによりアゴニスト作用を示す、抗体の H鎖 V 領域を 2 つ以上及び L 鎖 V 領域を 2 つ以上含む改変抗体のスクリーニング方法であって、

(1) TPO レセプターに特異的に結合する抗体の H 鎖 V 領域を 2 つ以上及び L

鎖V領域を2つ以上含む改変抗体を作製し、

(2) TPOレセプターを発現している細胞と該改変抗体とを接触させ、

(3) TPOレセプターを架橋することにより該細胞に生ずるTPOアゴニスト作用を測定する、

5 工程を含むスクリーニング方法。

40. TPOレセプターを架橋することによりTPOアゴニスト作用を示す、抗体のH鎖V領域を2つ以上及びL鎖V領域を2つ以上含む改変抗体のTPOアゴニスト活性の測定方法であって、

(1) TPOレセプターに特異的に結合する抗体のH鎖V領域を2つ以上及びL鎖V領域を2つ以上含む改変抗体を作製し、

(2) TPOレセプターを発現している細胞と該改変抗体とを接触させ、

(3) TPOレセプターを架橋することにより該細胞に生ずるTPOアゴニスト作用を測定する、

工程を含むTPOアゴニスト活性の測定方法。

図 1

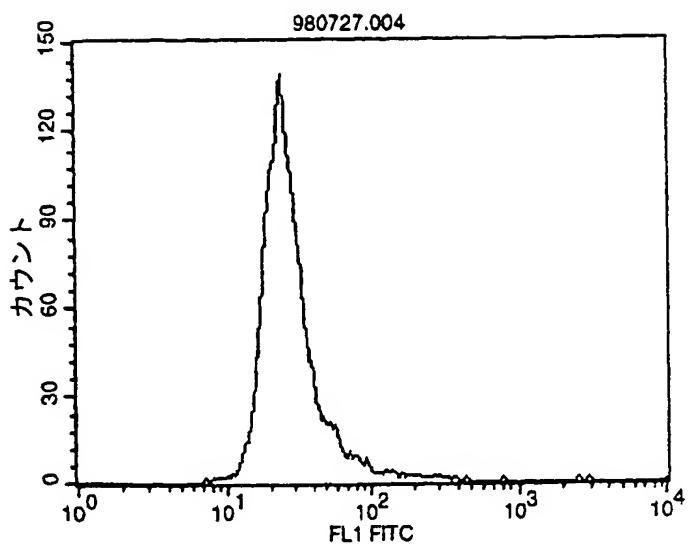


図 2

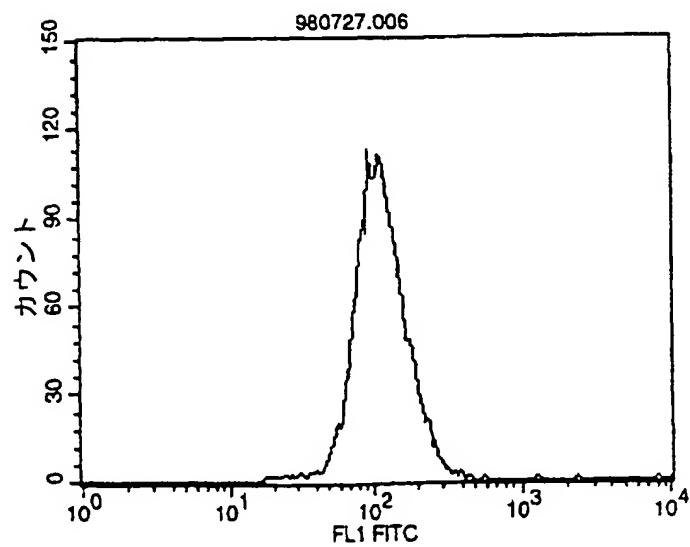


図 3

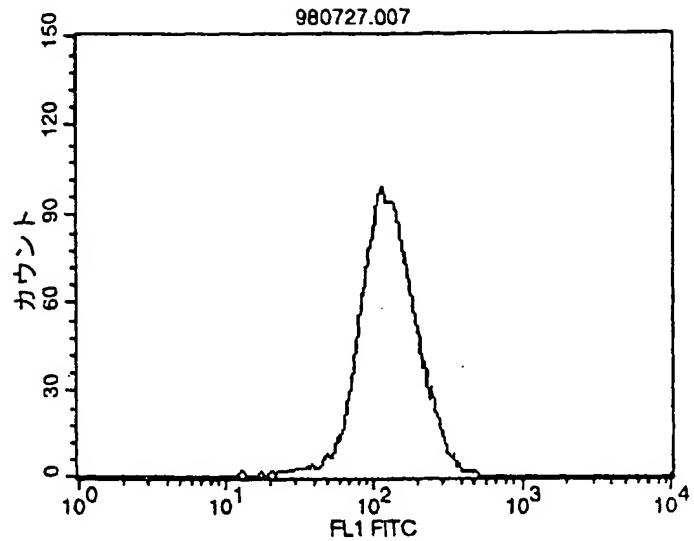


図 4

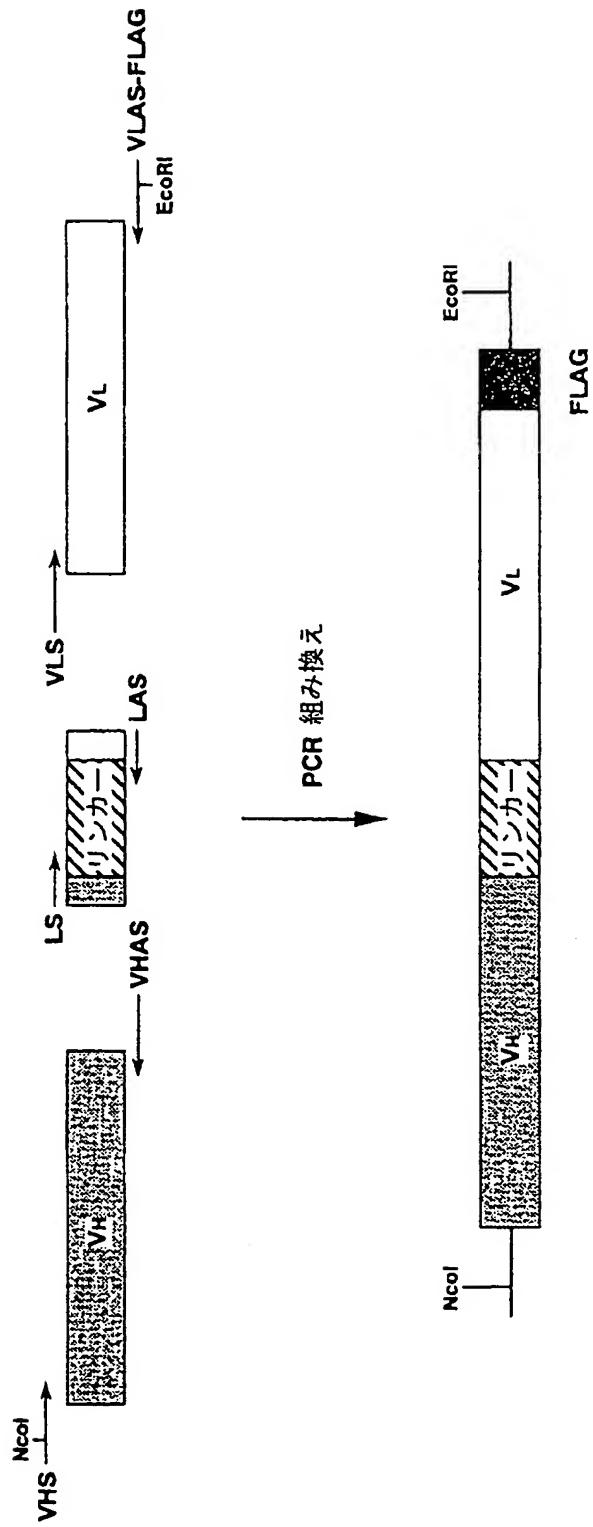


図 5

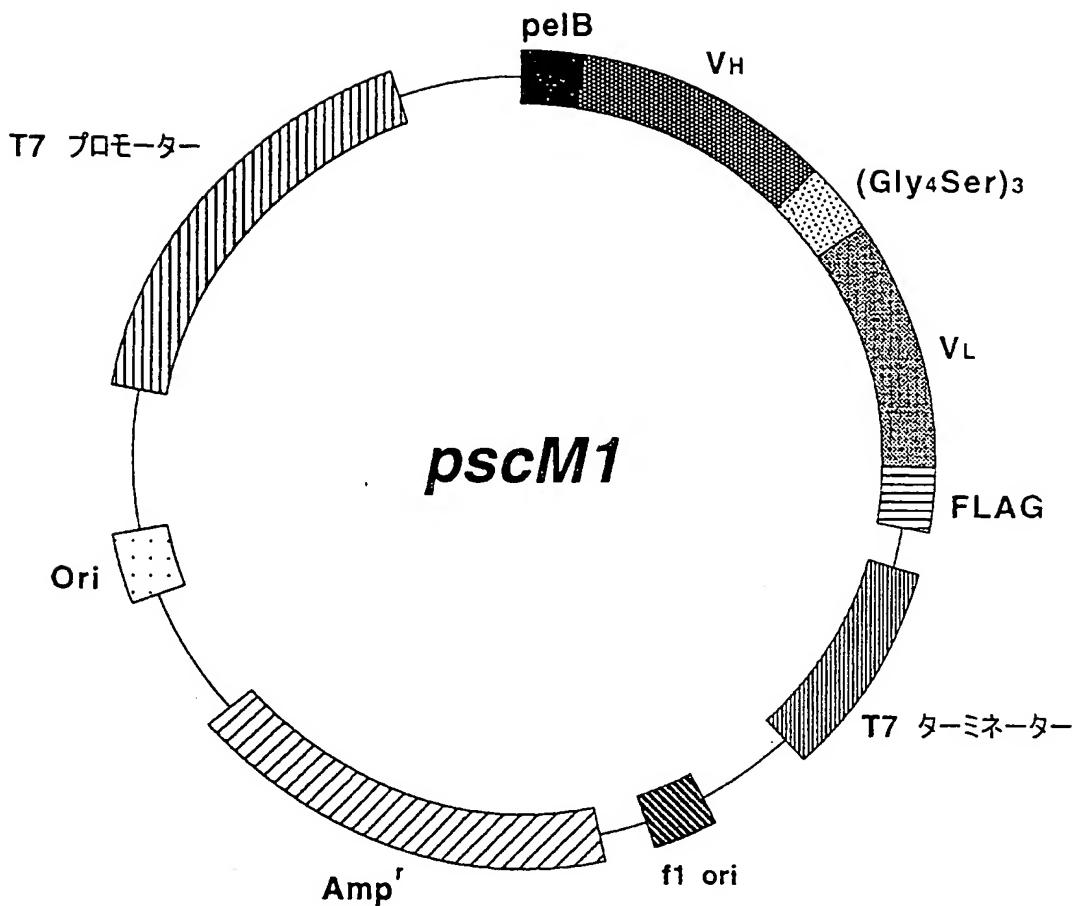


図 6

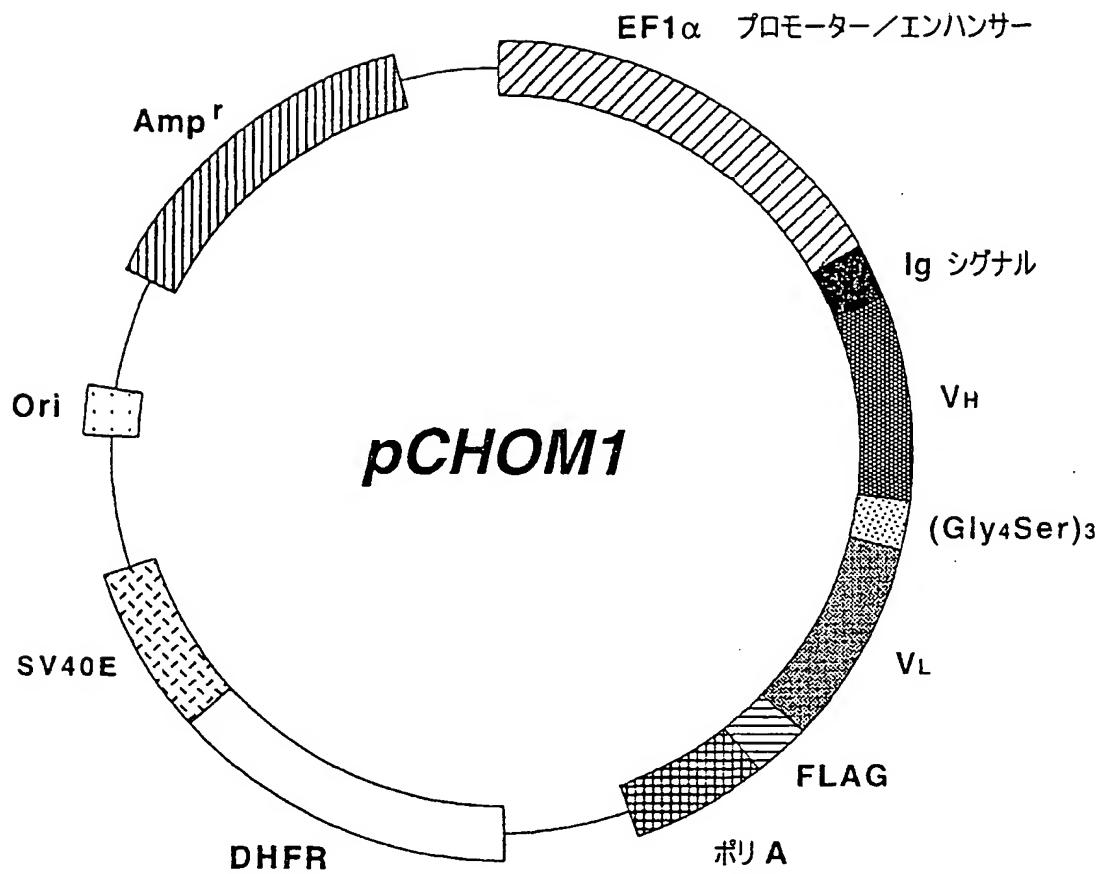
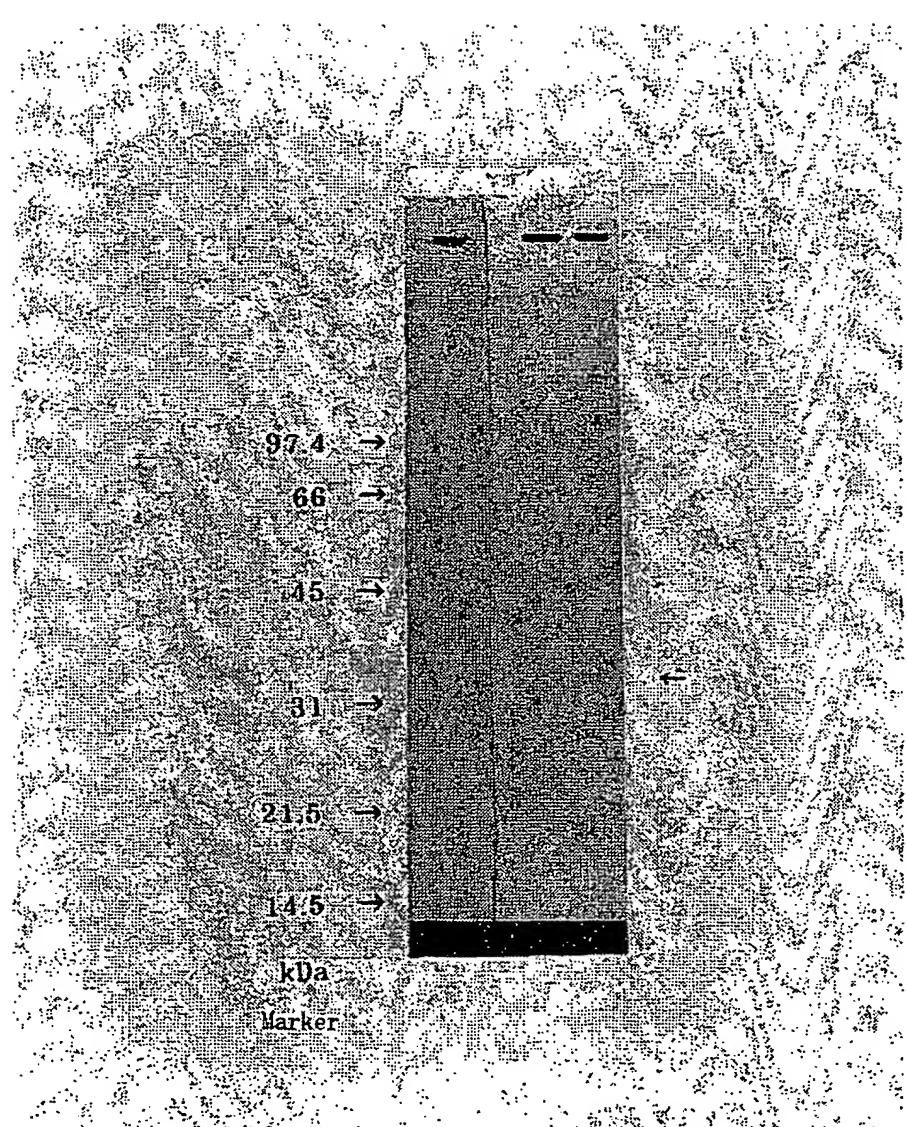


図 7



7/49

図 8

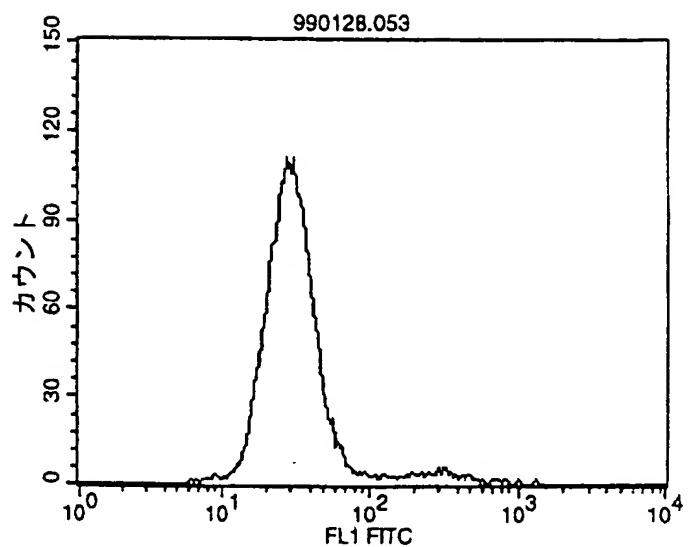
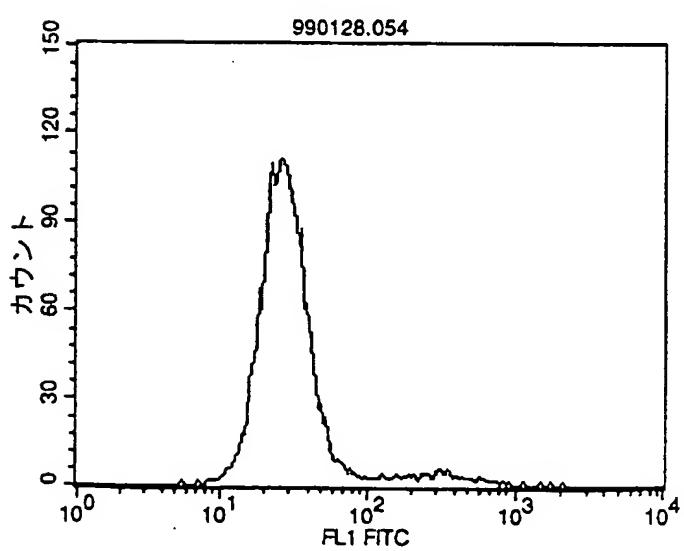


図 9



8/49

図 1 0

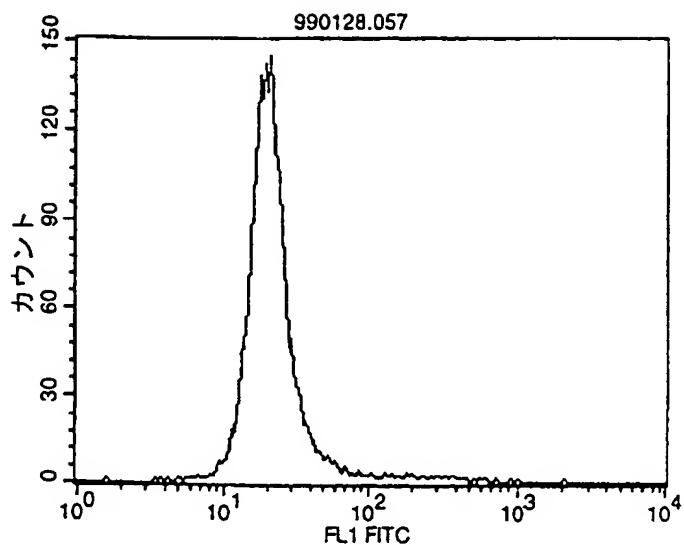


図 1 1

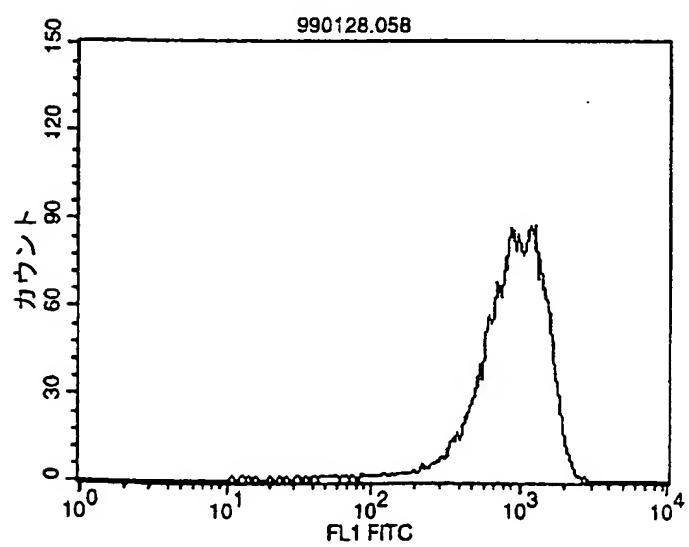


図 1 2

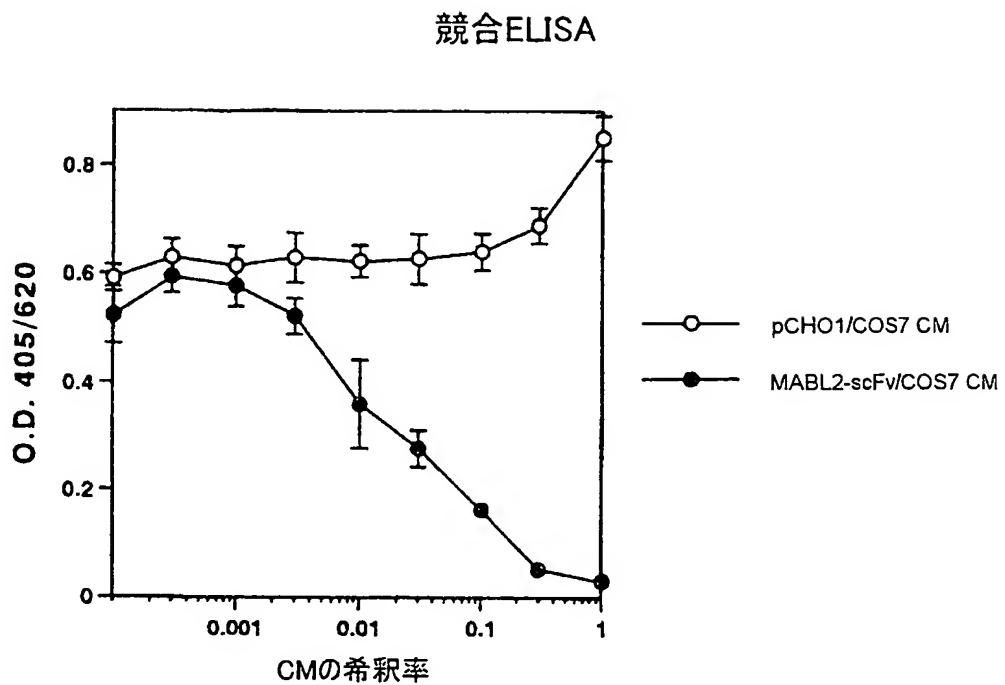
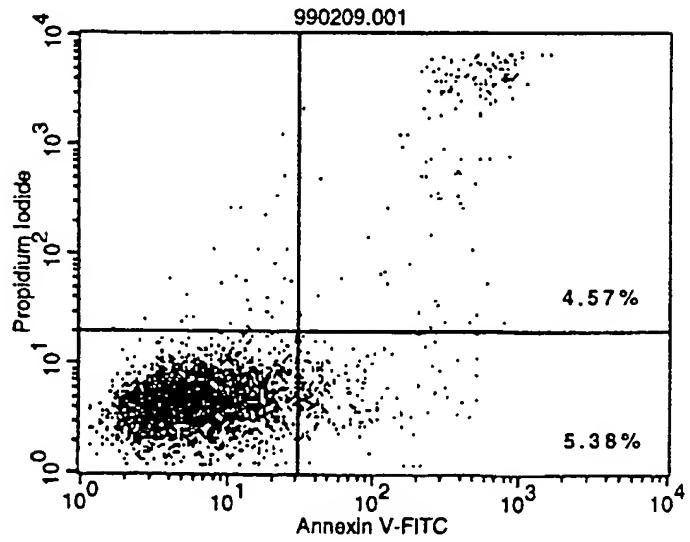


図 1 3



10/49

図 1 4

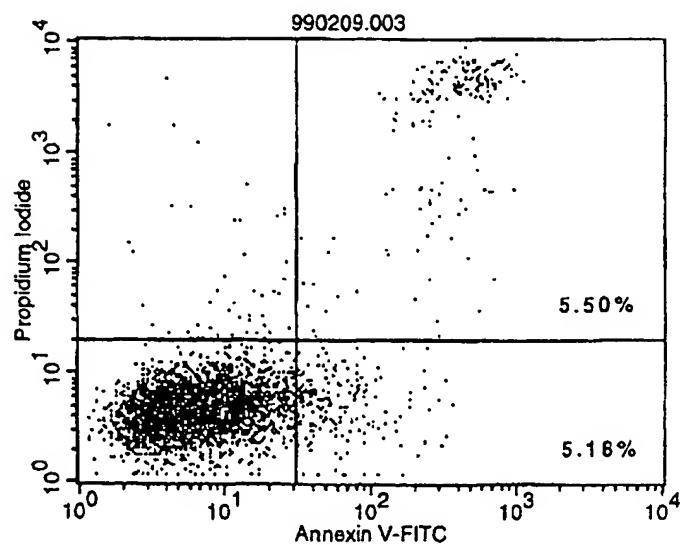
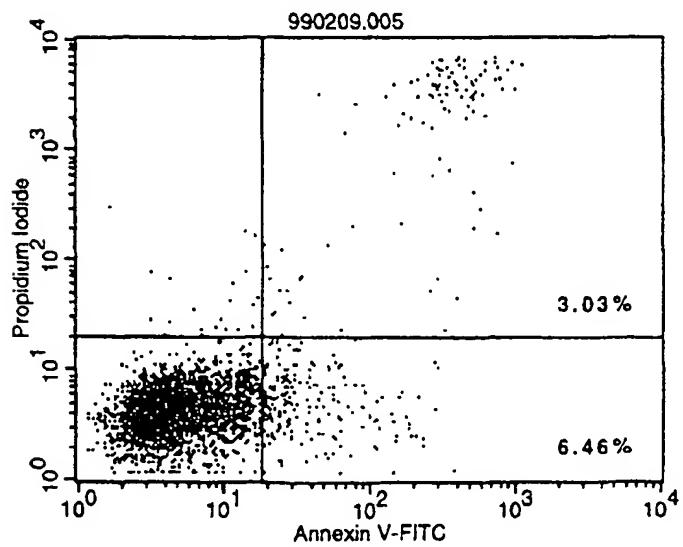


図 1 5



11/49

図 1 6

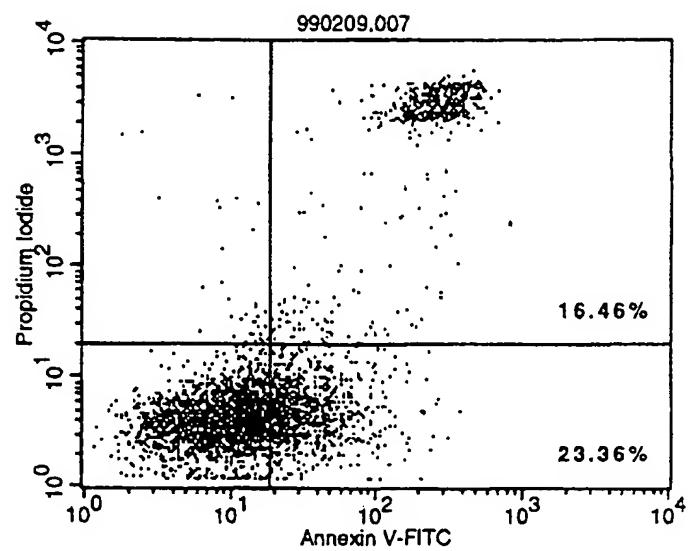
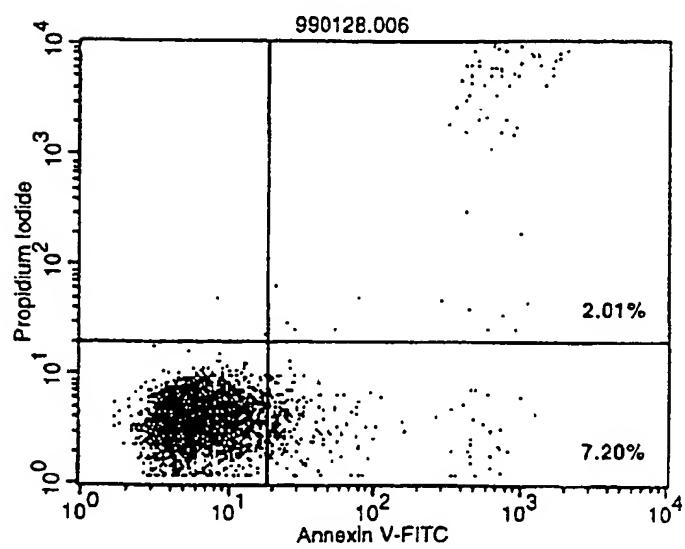
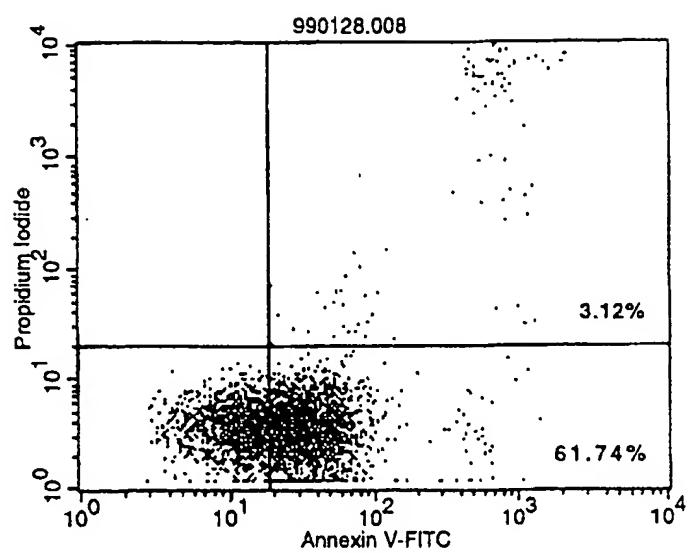


図 1 7



12/49

図 18



13/49

図 1 9

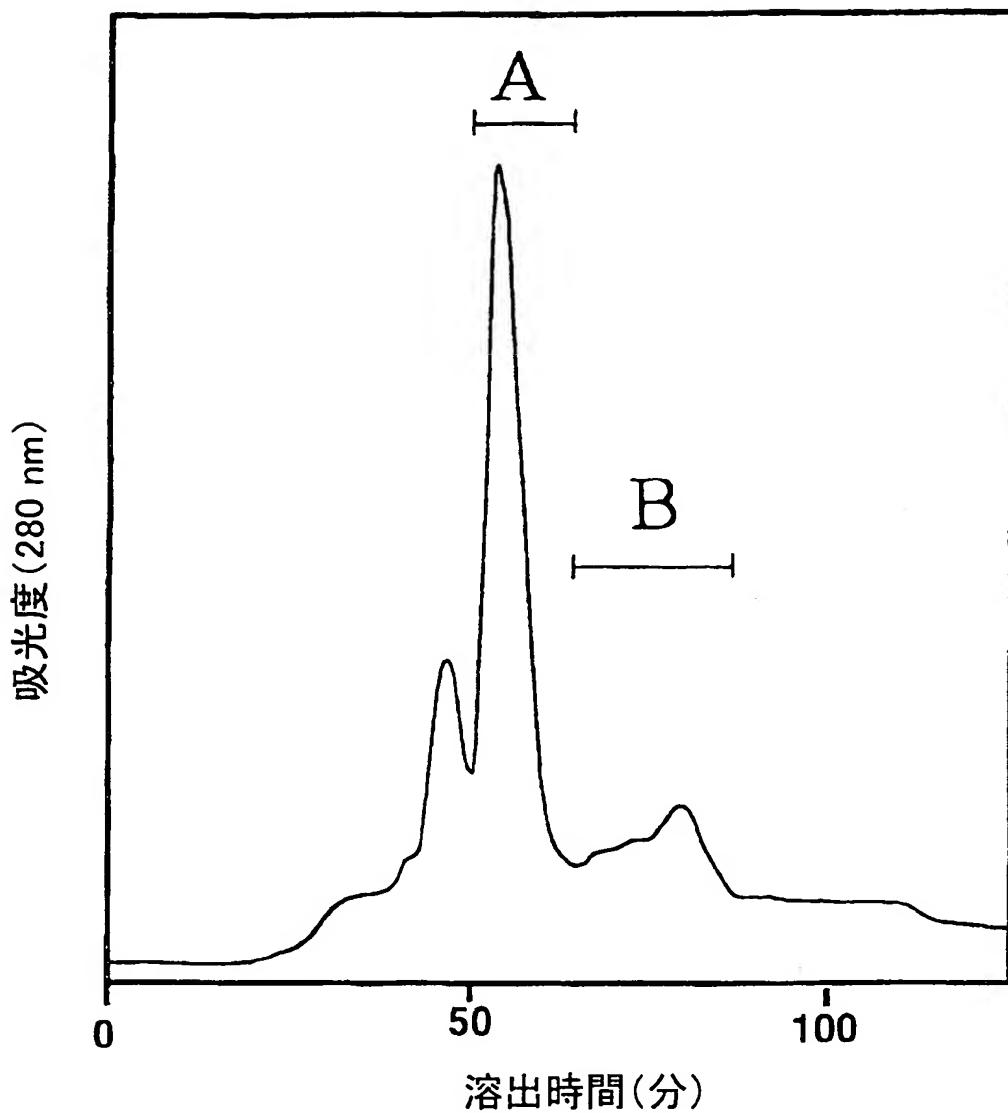


図20

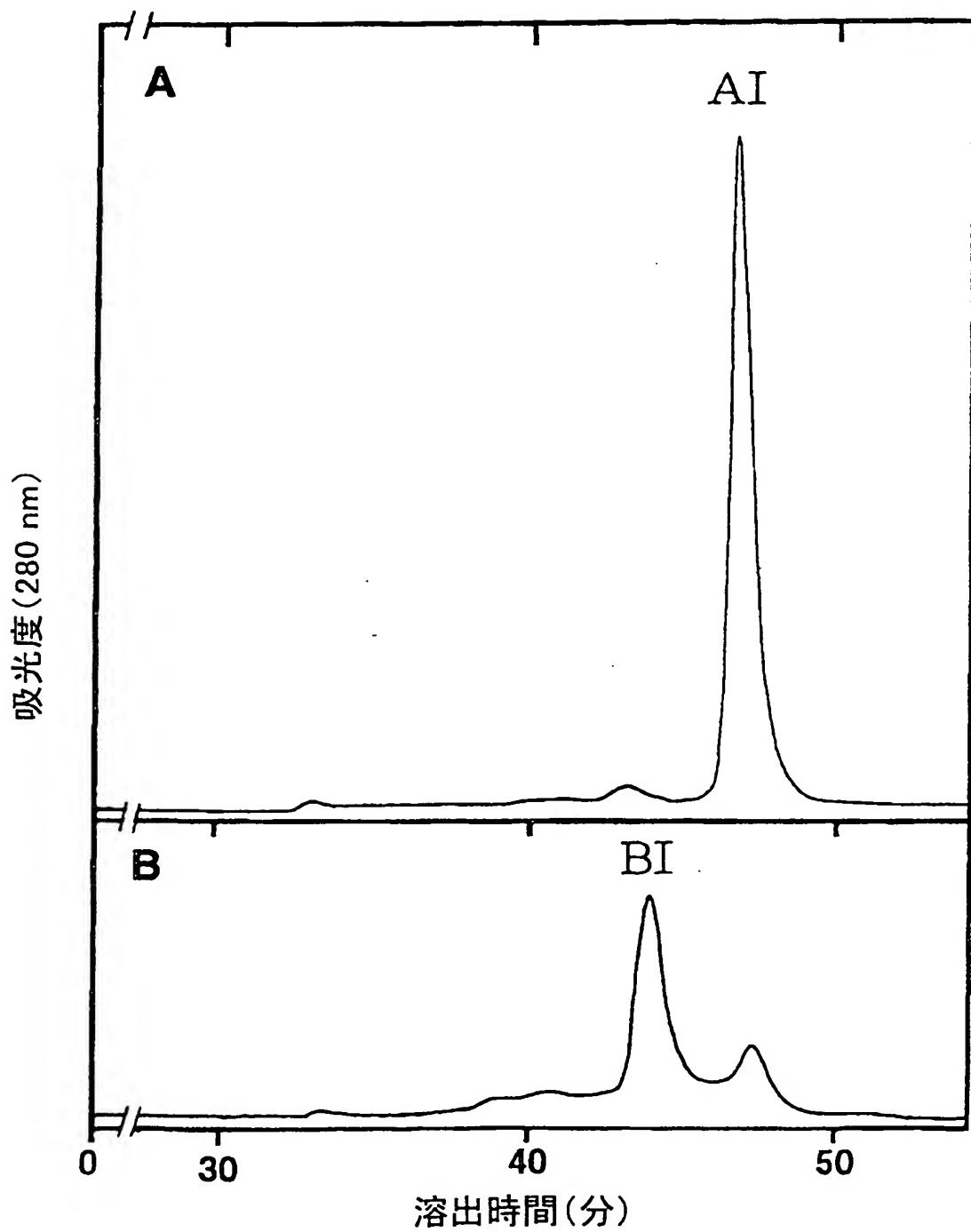
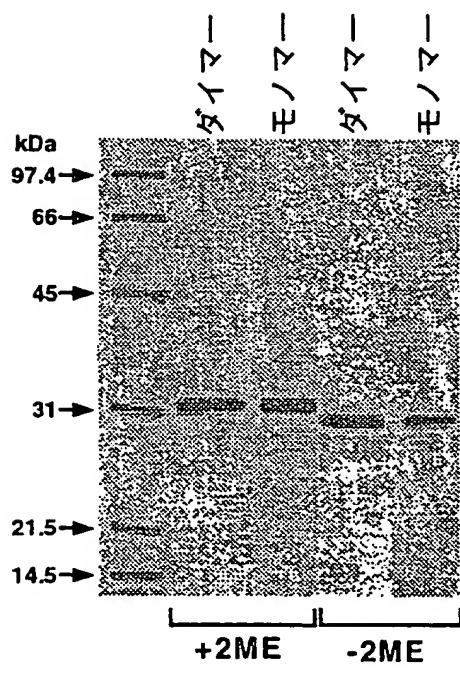


図 21

MABL2-scFvのSDS-PAGE分析

<CHO>



<E. coli>

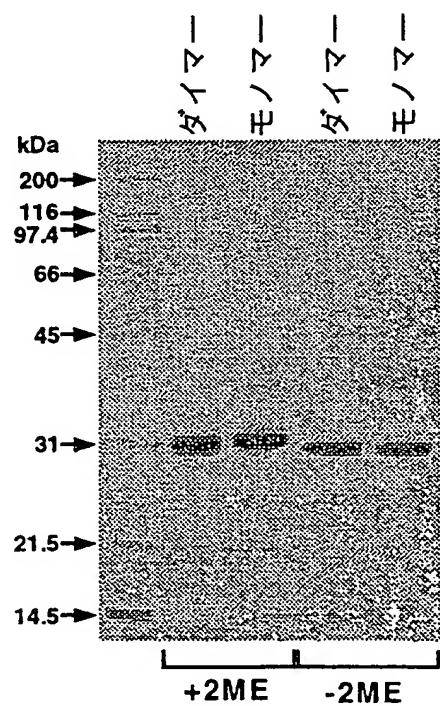
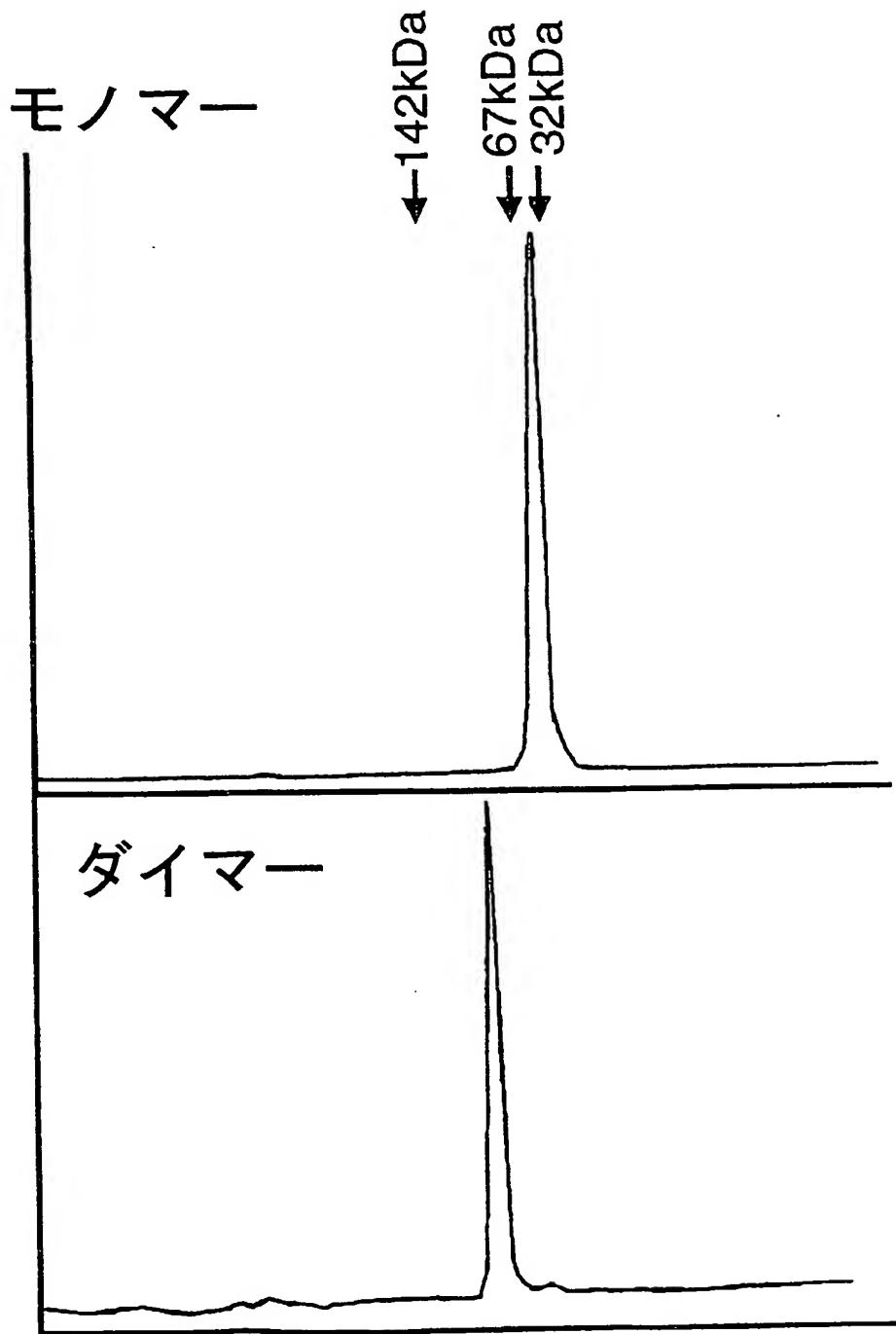


図 22

TSK gel G3000SW
20 mM 酢酸緩衝液, 0.15 M NaCl, pH 6.0



17/49

図 2 3

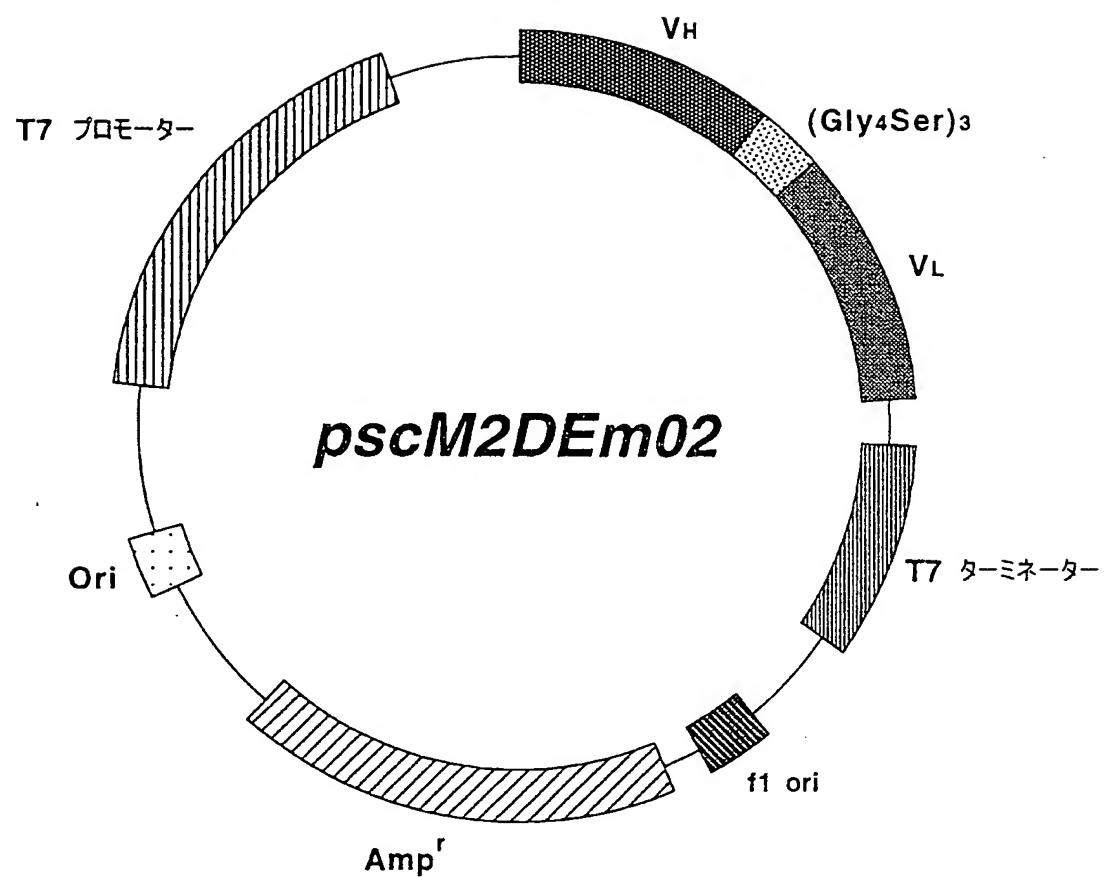
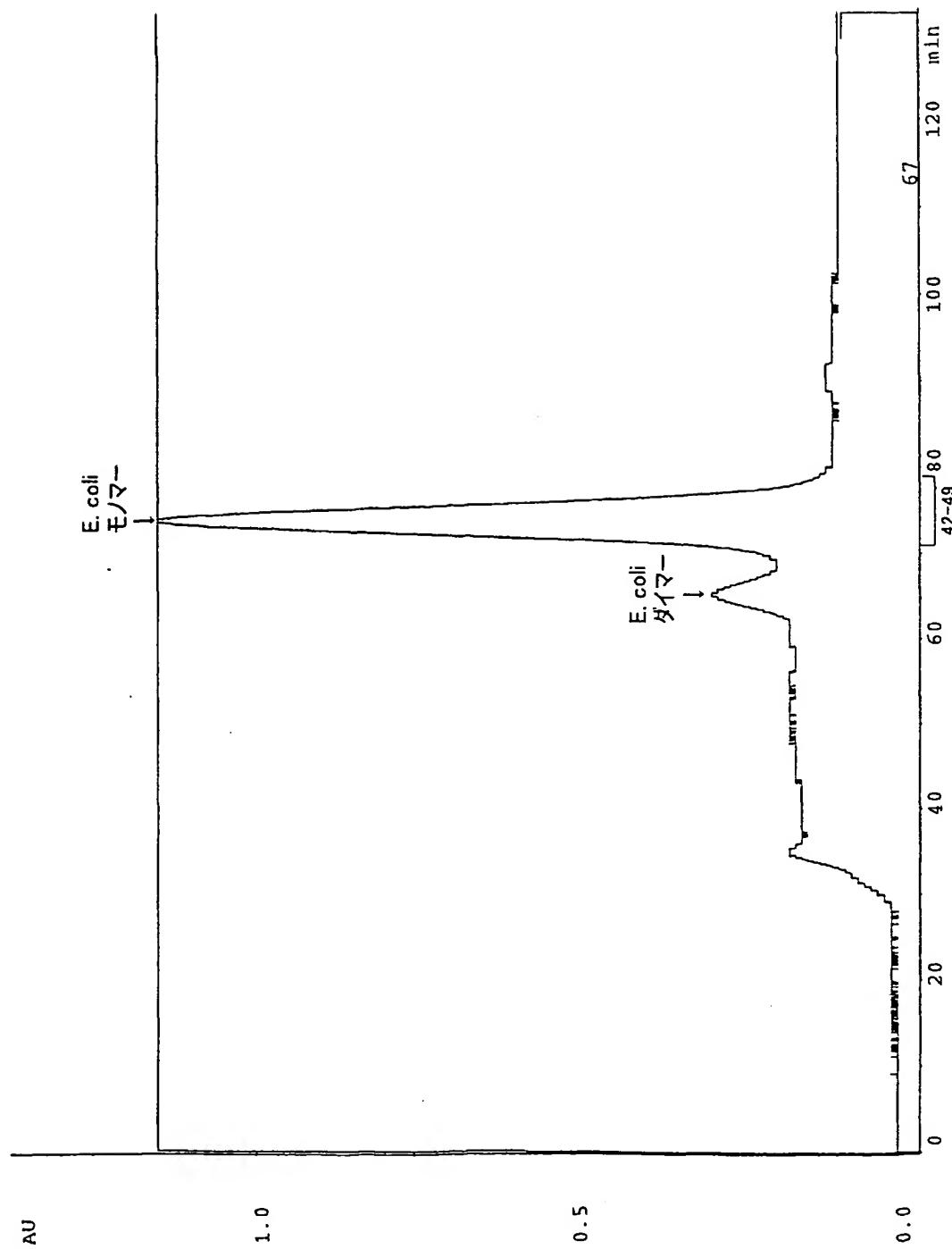


図 2 4



19/49

図 25

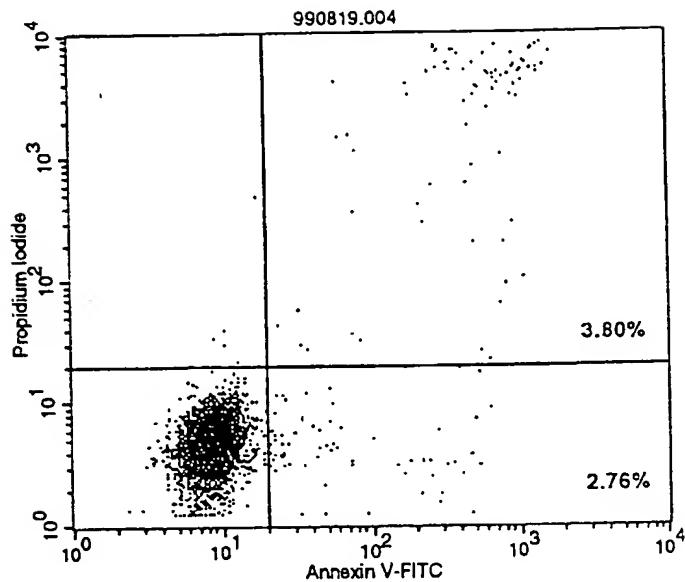
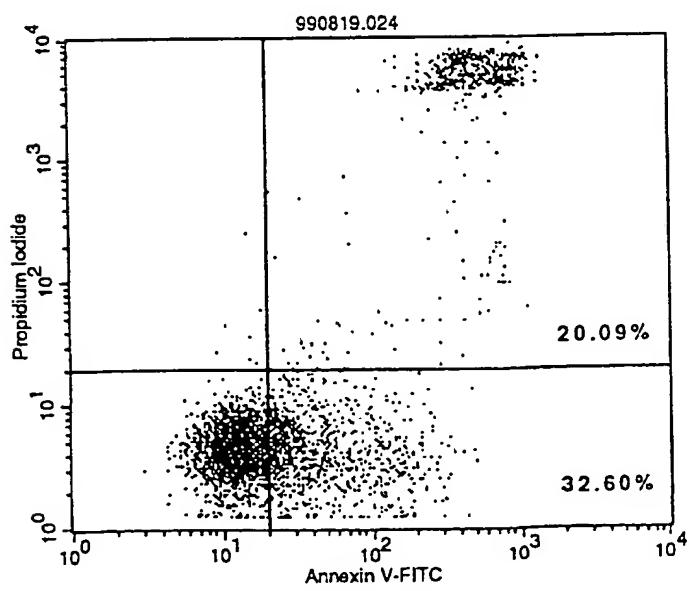


図 26



20/49

図 27

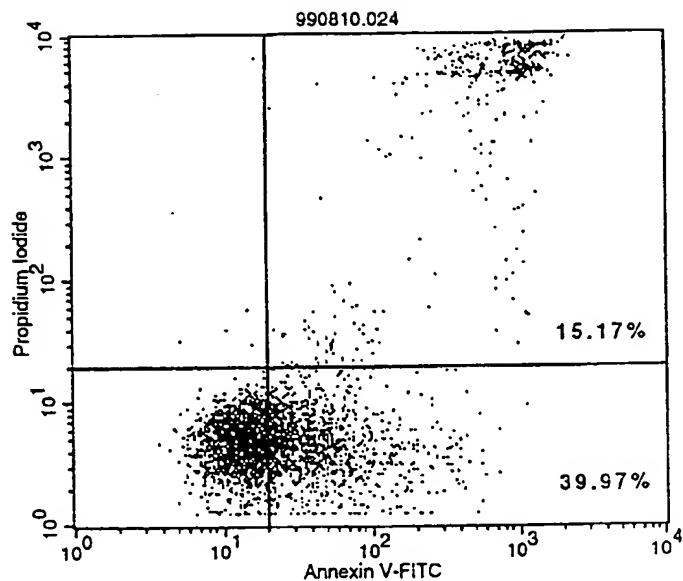
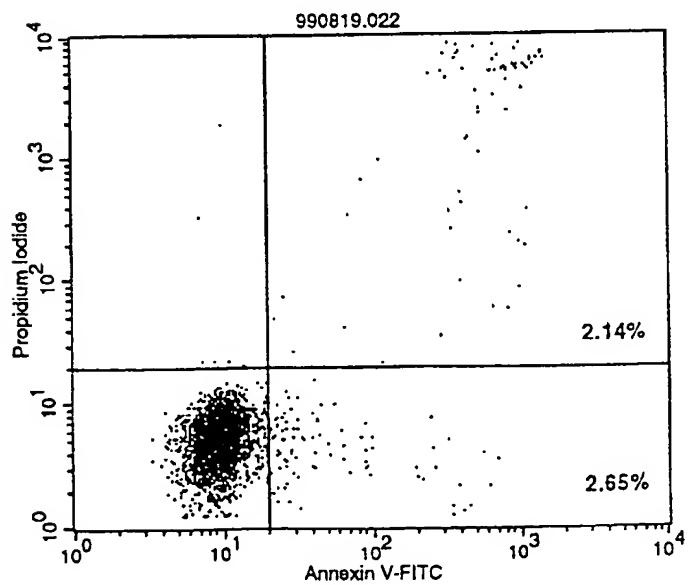
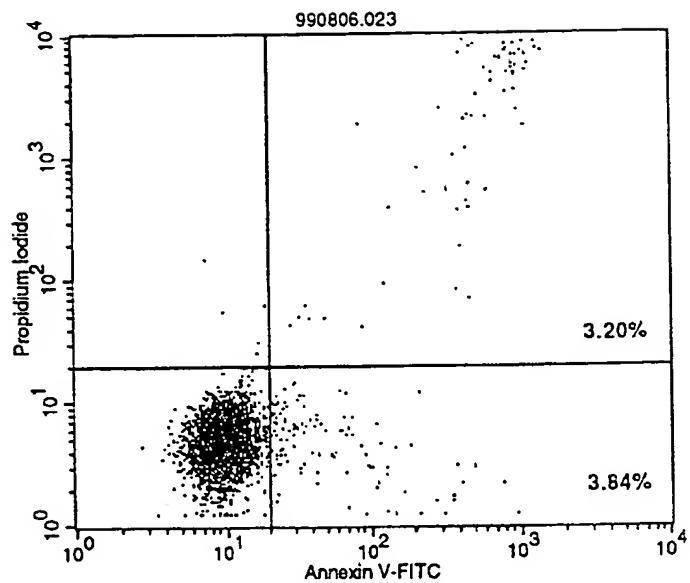


図 28



21/49

図 29



22/49

図30

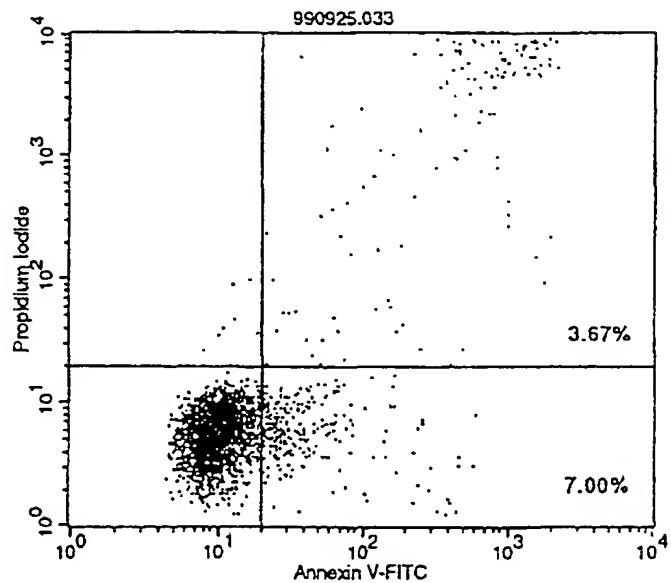


図31

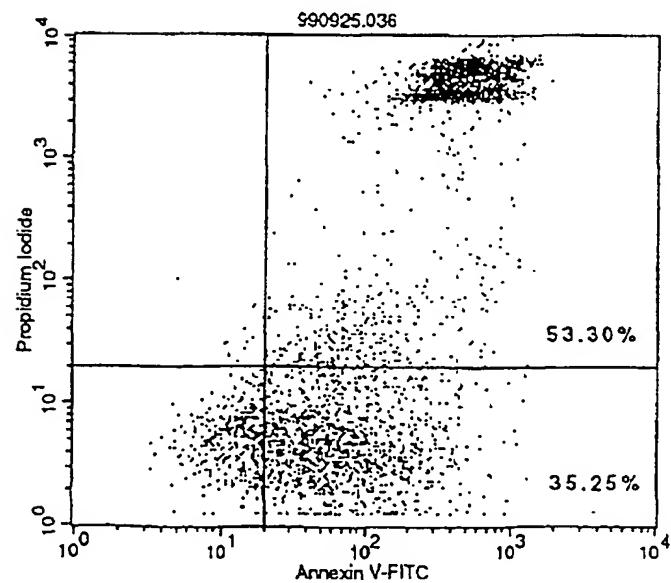


図 3 2

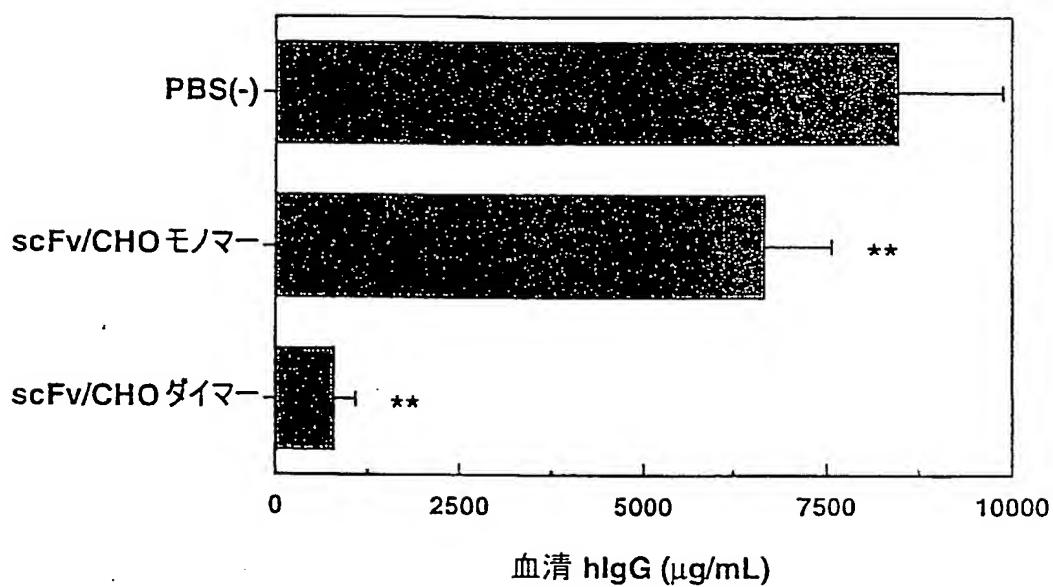
KPMM2 i.v. SCIDマウス中の
血清hIgGにおけるMABL-2(scFv)の効果** : $p < 0.01$

図 3 3

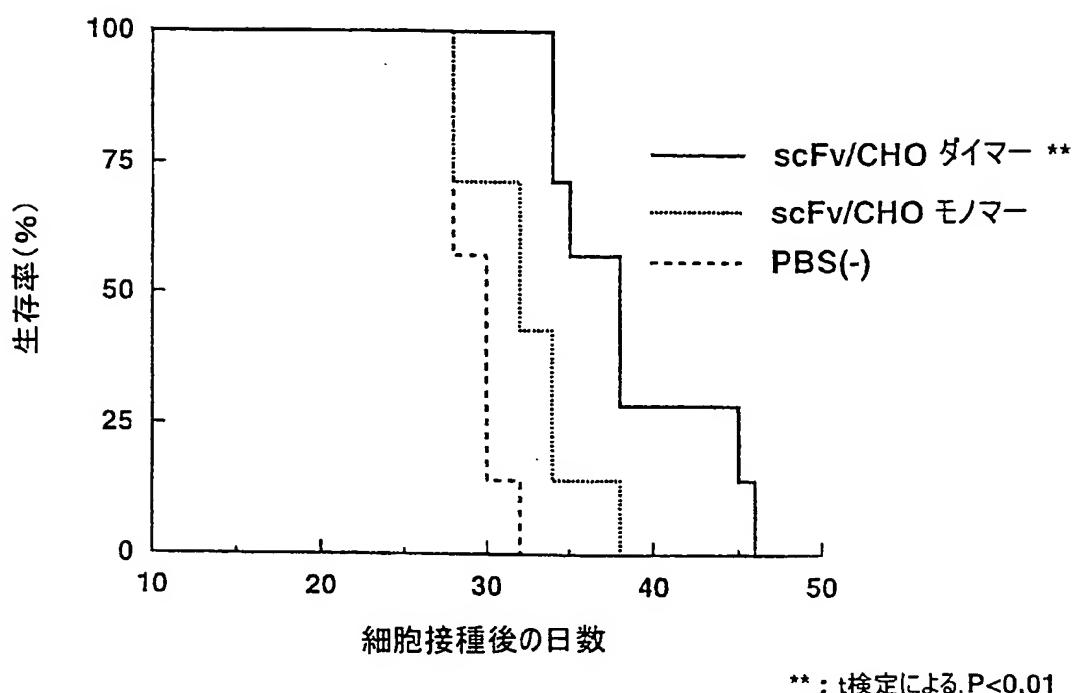
KPMM2 i.v. SCIDマウスの
生存におけるMABL-2(scFv)の効果

図 3 4

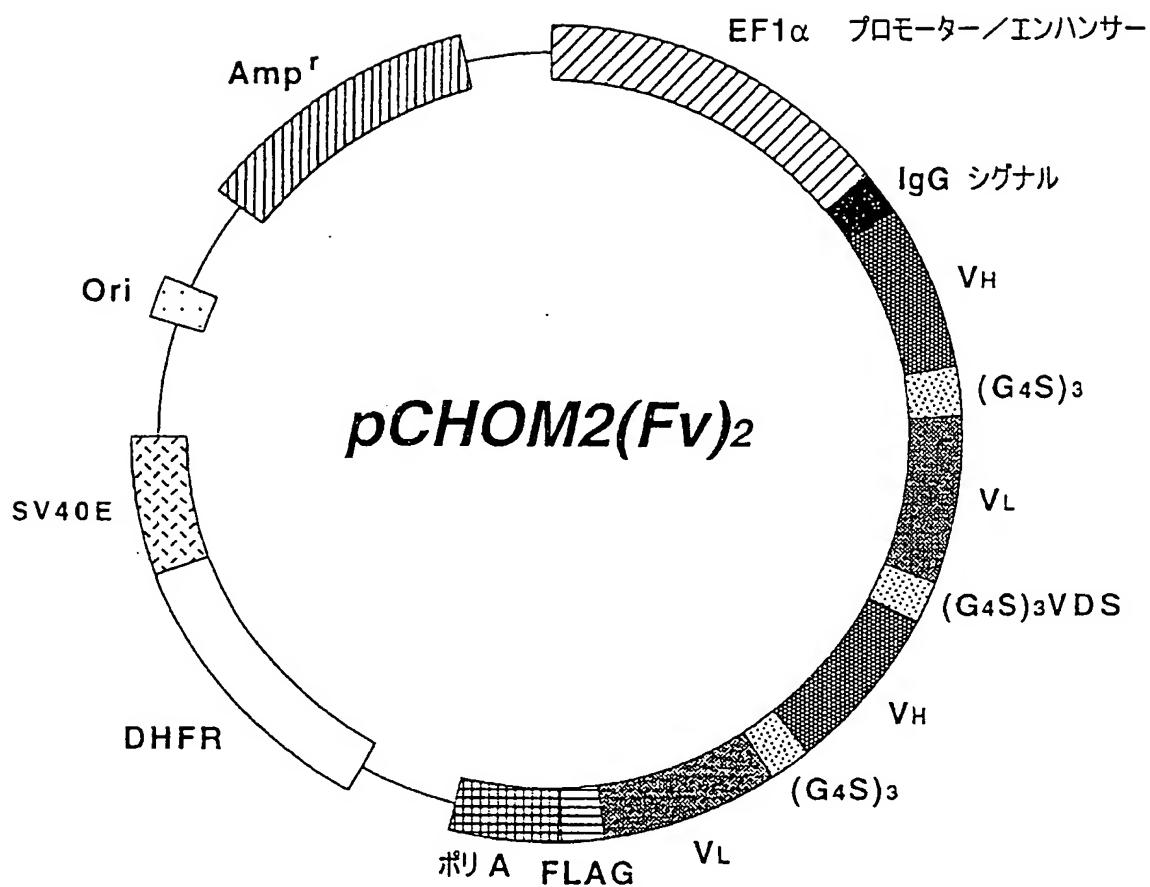


図 3 5

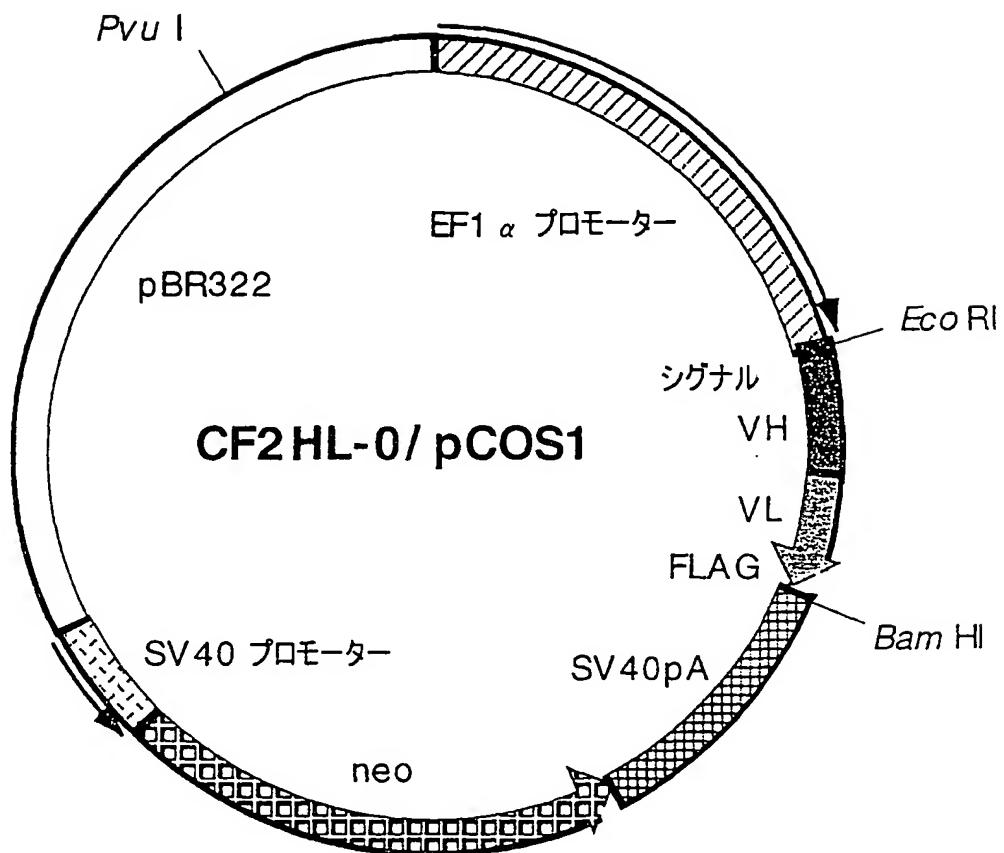
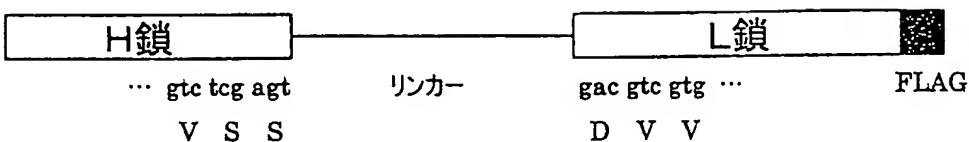


図 3 6

<HLタイプのリンカー塩基配列とアミノ酸配列>



プラスミド	リンカーアミノ酸の数	リンカー
CF2HL-0/pCOS1	0	gtc tcg agt V S S
CF2HL-3/pCOS1	3	gtc tcg agt ggt ggt tcc V S S G G S
CF2HL-4/pCOS1	4	gtc tcg agt ggt ggt ggt tcc V S S G G G S
CF2HL-5/pCOS1	5	gtc tcg agt ggt ggt ggt ggt tcc V S S G G G G S
CF2HL-6/pCOS1	6	gtc tcg agt gt ggt ggt ggt ggt tcc V S S G G G G G S
CF2HL-7/pCOS1	7	gtc tcg agt ggt ggt ggt ggt ggt ggt tcc gac gtc gtg V S S G G G G G G S D V V

図 3 7

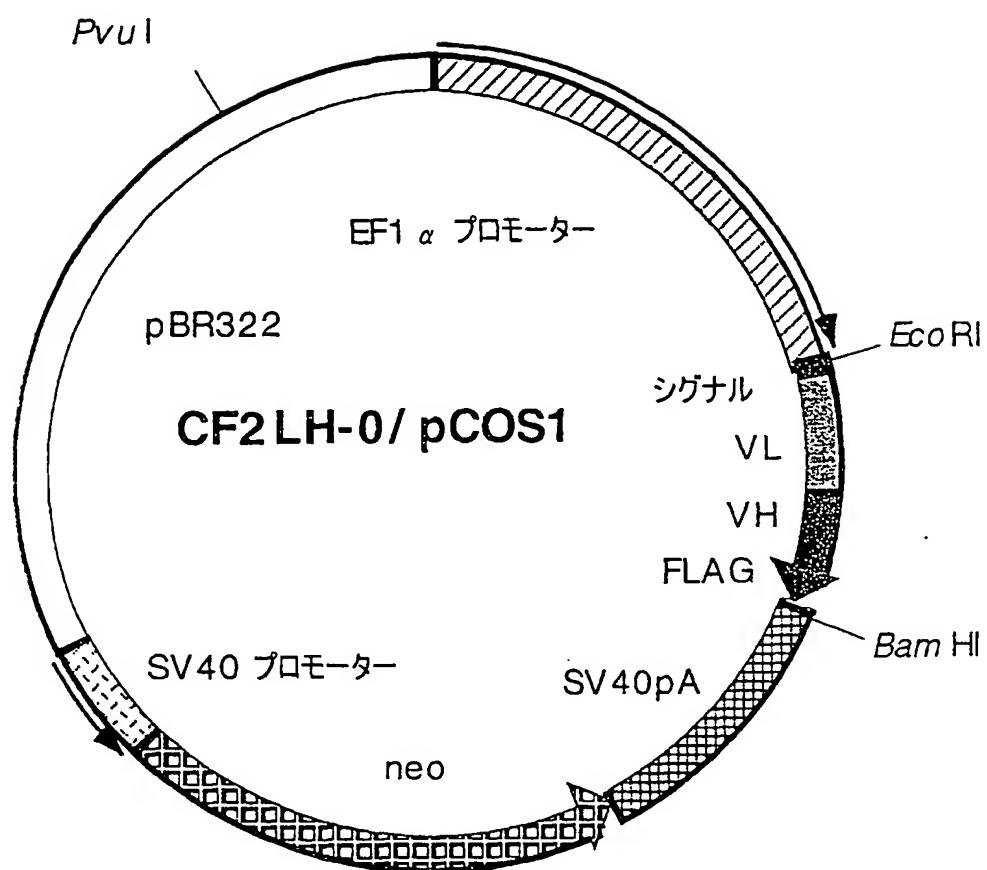
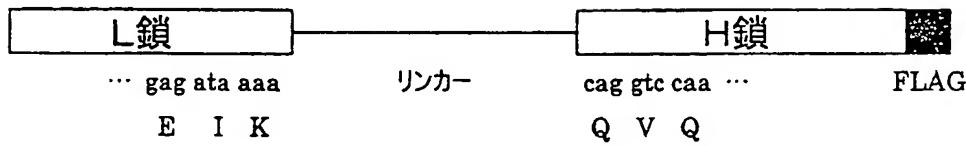


図38

<LHタイプのリンカー塩基配列とアミノ酸配列>



プラスミド	リンカーアミノ酸の数	リンカー
CF2LH-0/pCOS1	0	gag ata aaa E I K
CF2LH-3/pCOS1	3	gag ata aaa tcc gga ggc E I K S G G
CF2LH-4/pCOS1	4	gag ata aaa tcc gga ggt ggc E I K S G G G
CF2LH-5/pCOS1	5	gag ata aaa tcc gga ggt ggt ggc E I K S G G G G
CF2LH-6/pCOS1	6	gag ata aaa tcc gga ggt ggt ggt ggc E I K S G G G G G
CF2LH-7/pCOS1	7	gag ata aaa tcc gga ggt ggt ggt ggt ggc E I K S G G G G G G Q V Q

図 39

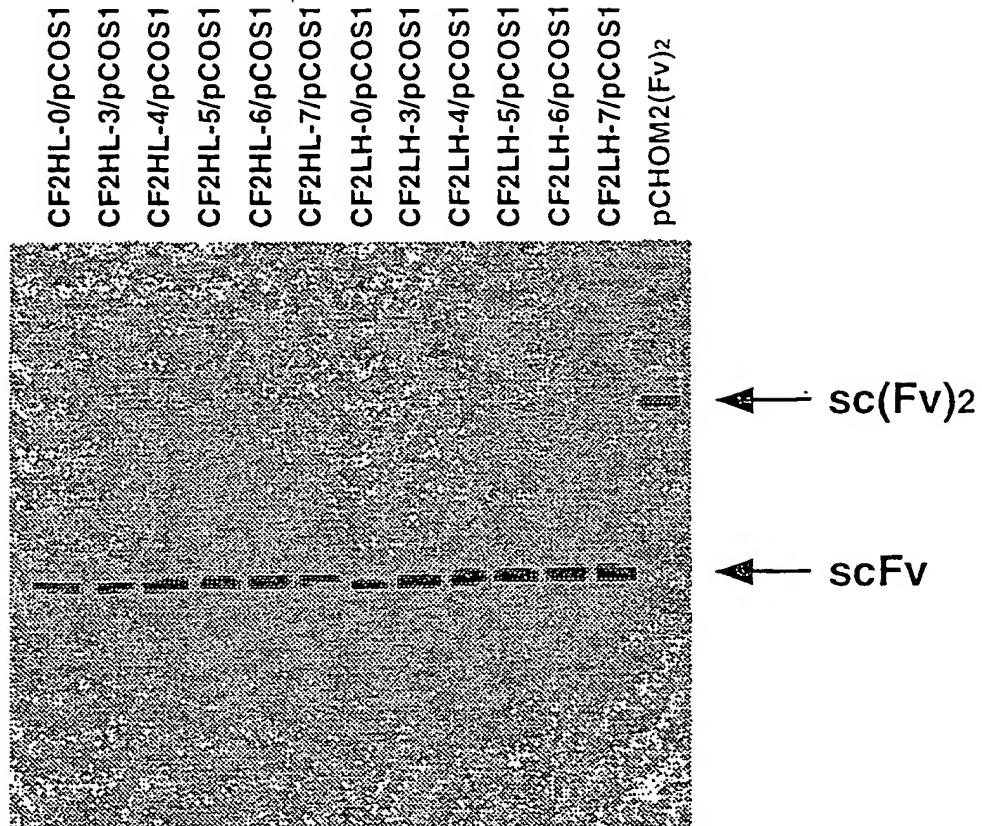


図 40 a

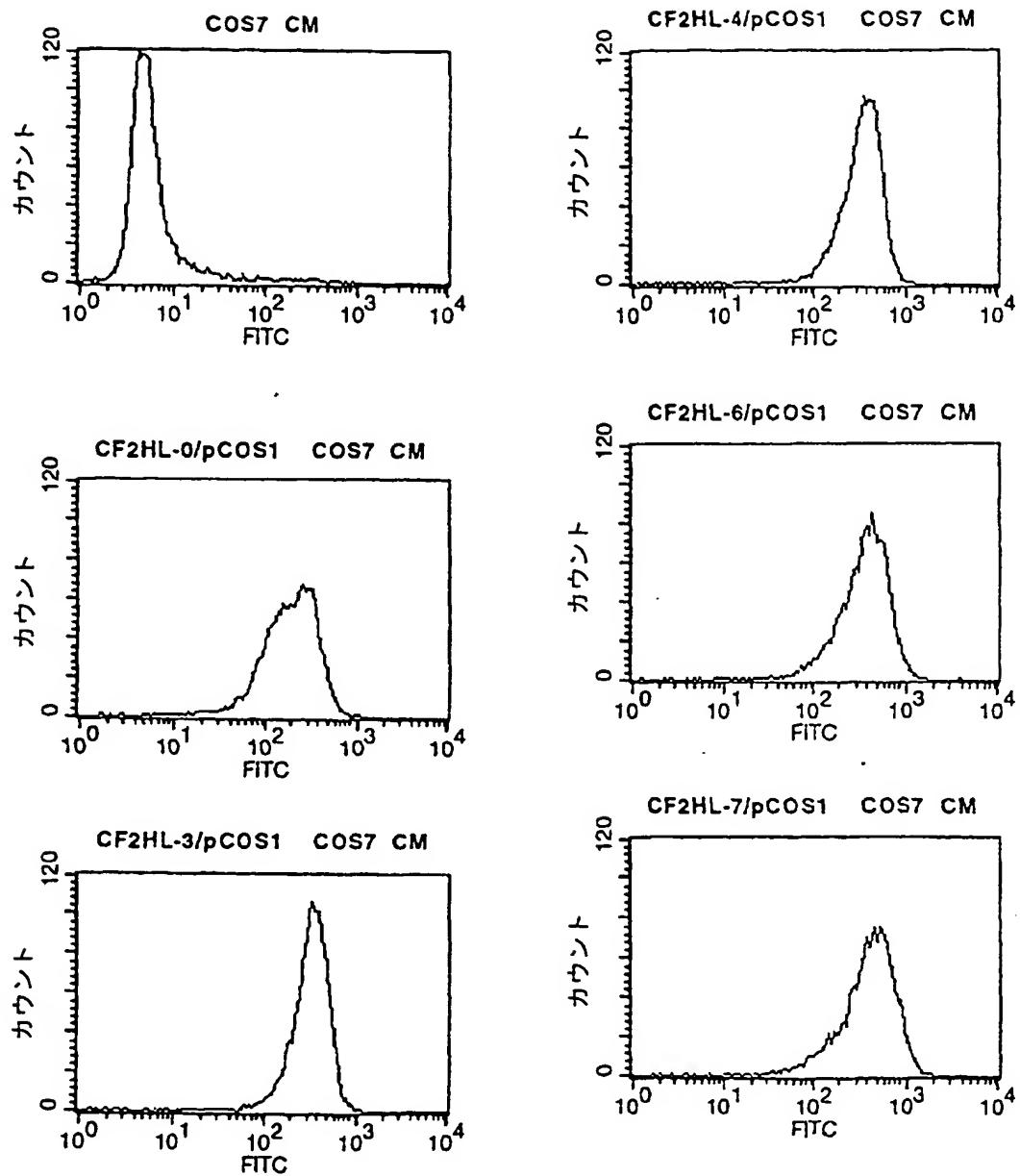
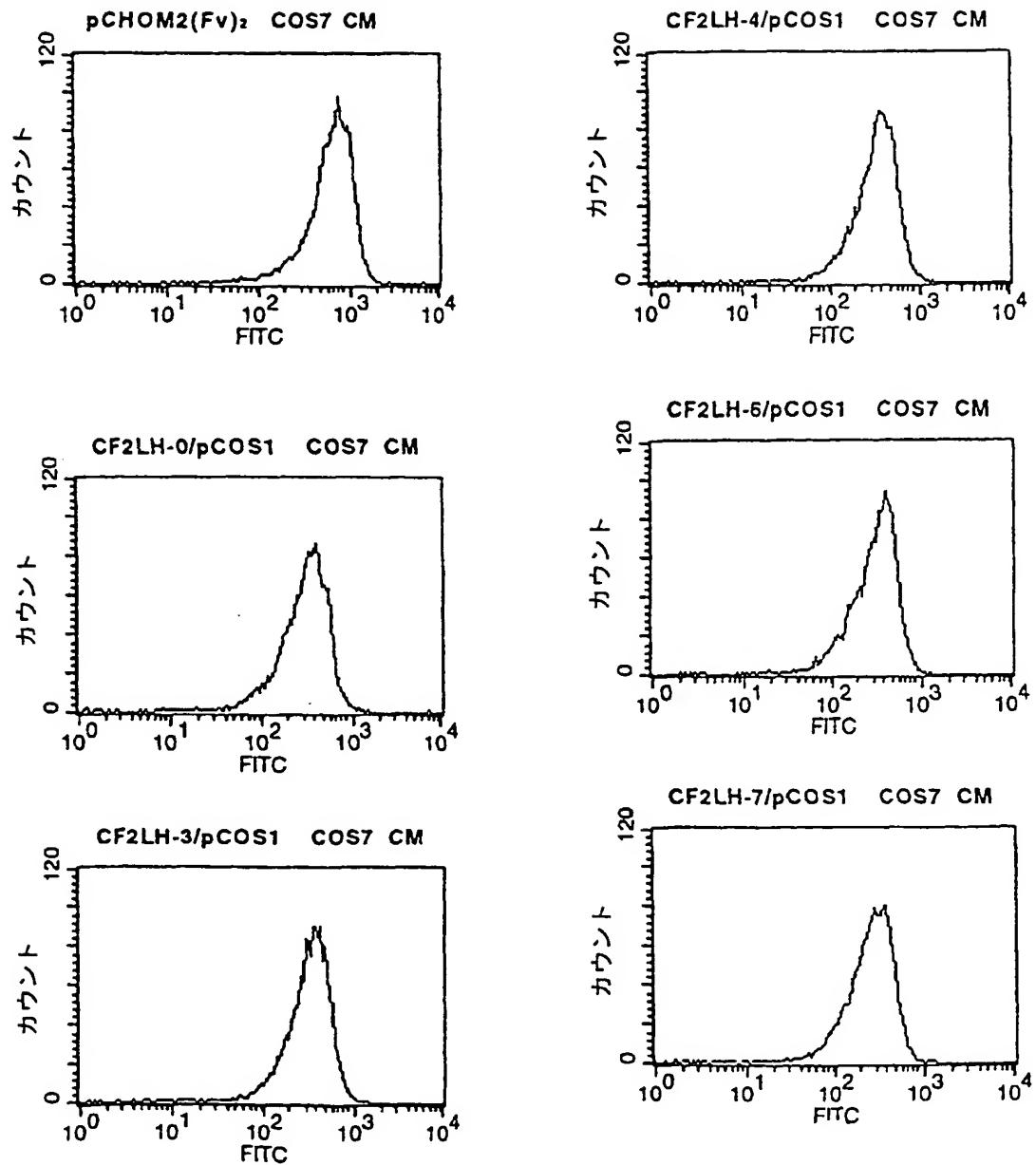


図 40 b



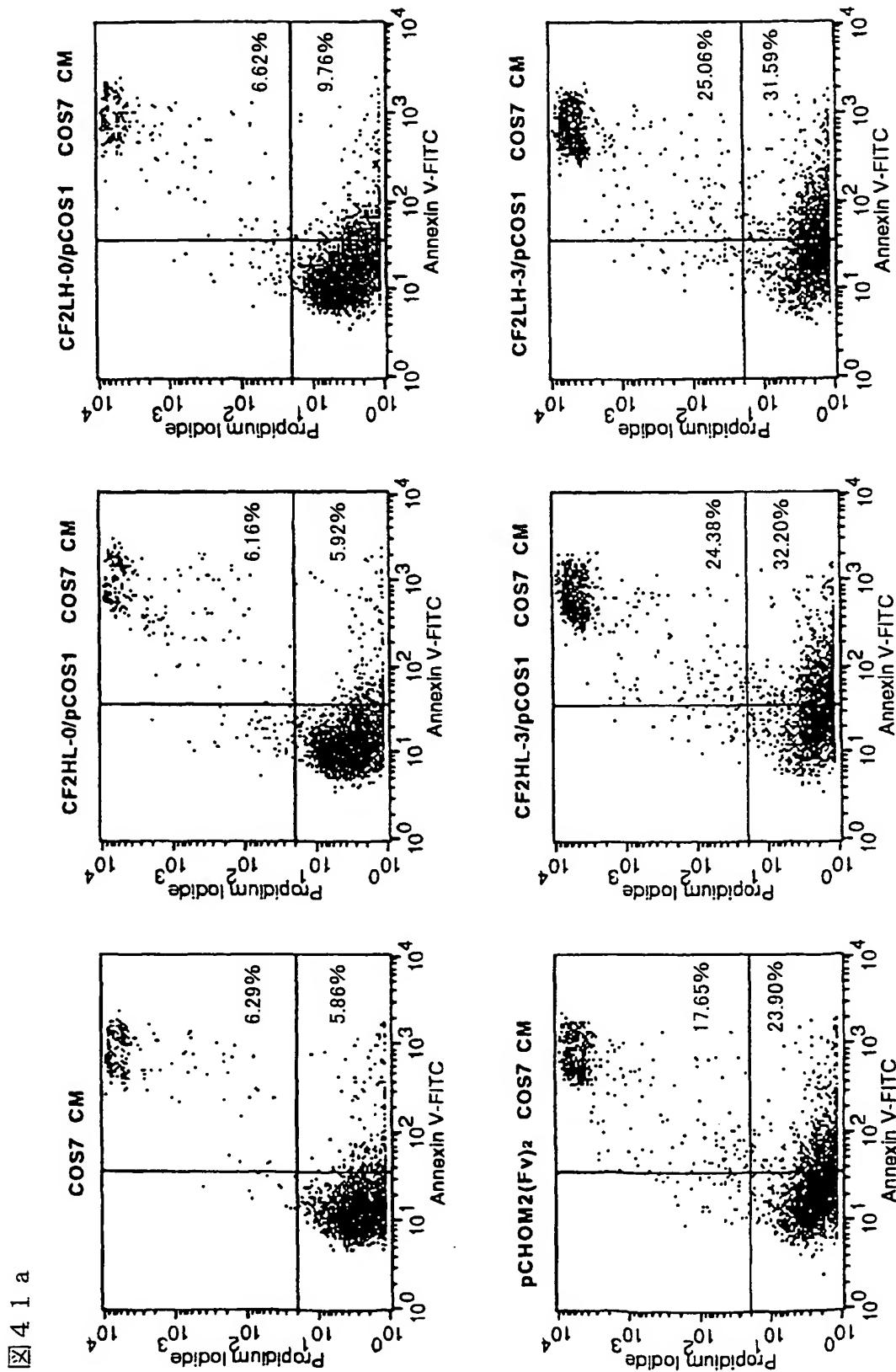


図 4 1 b

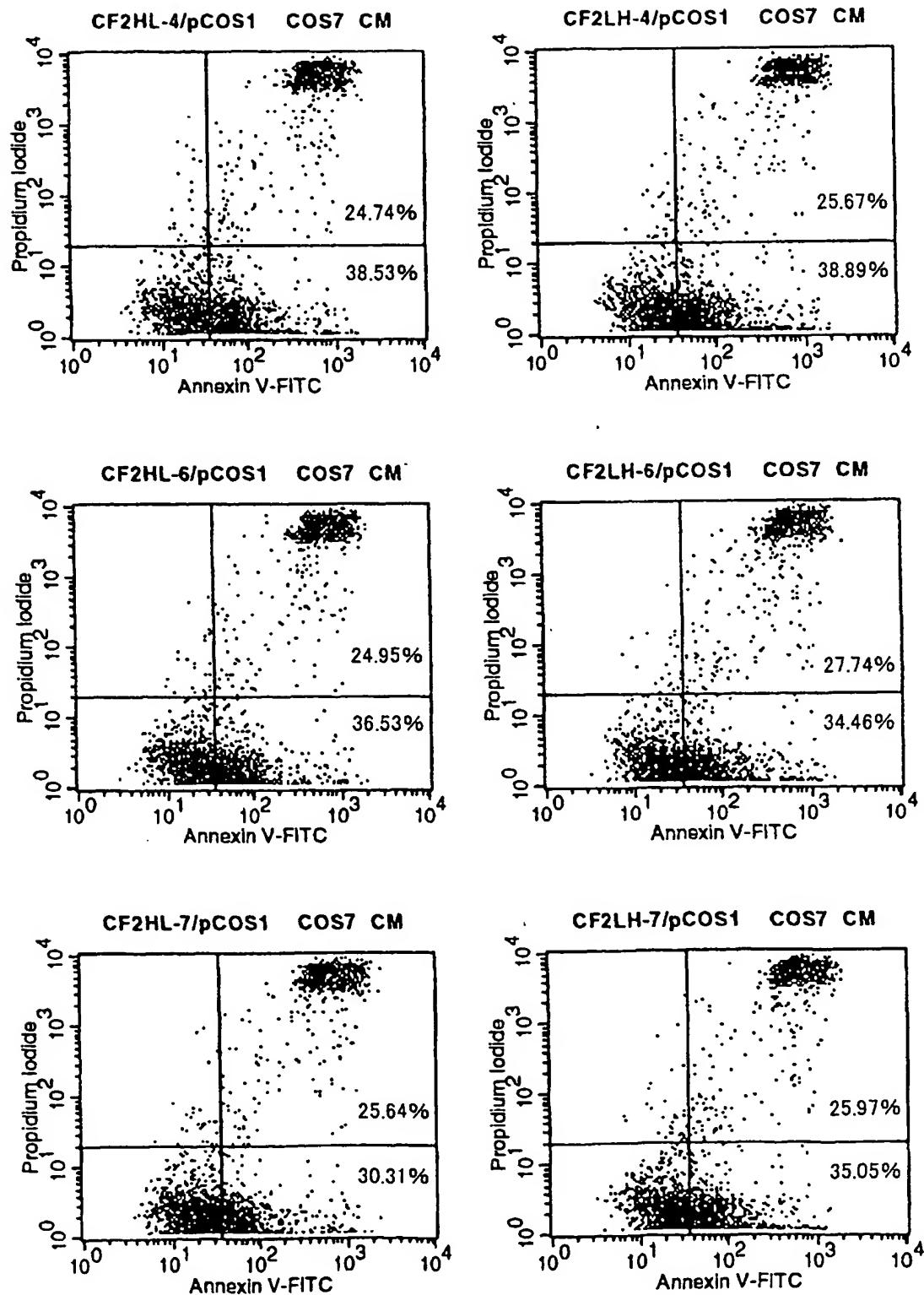


図4.2

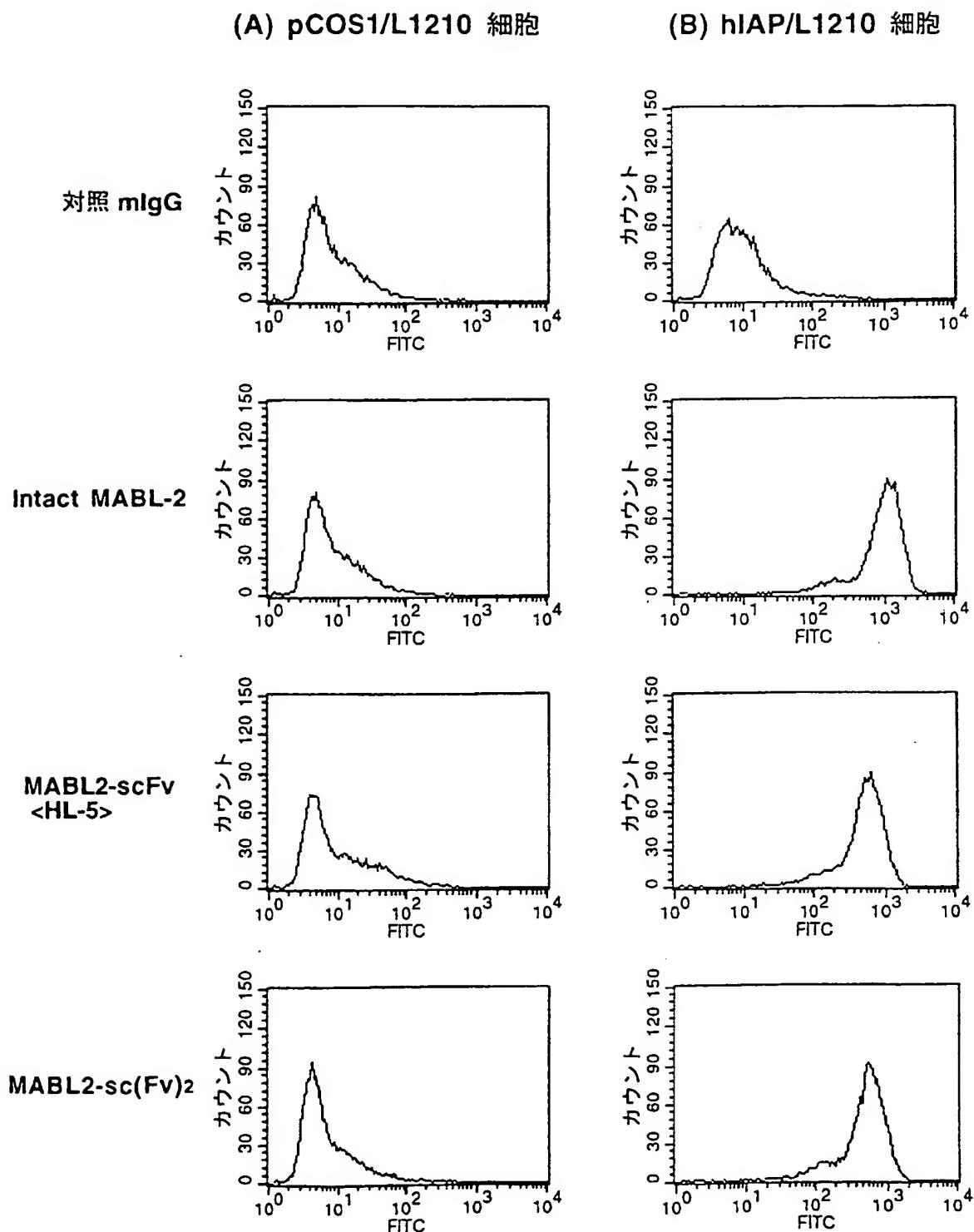


図 4.3

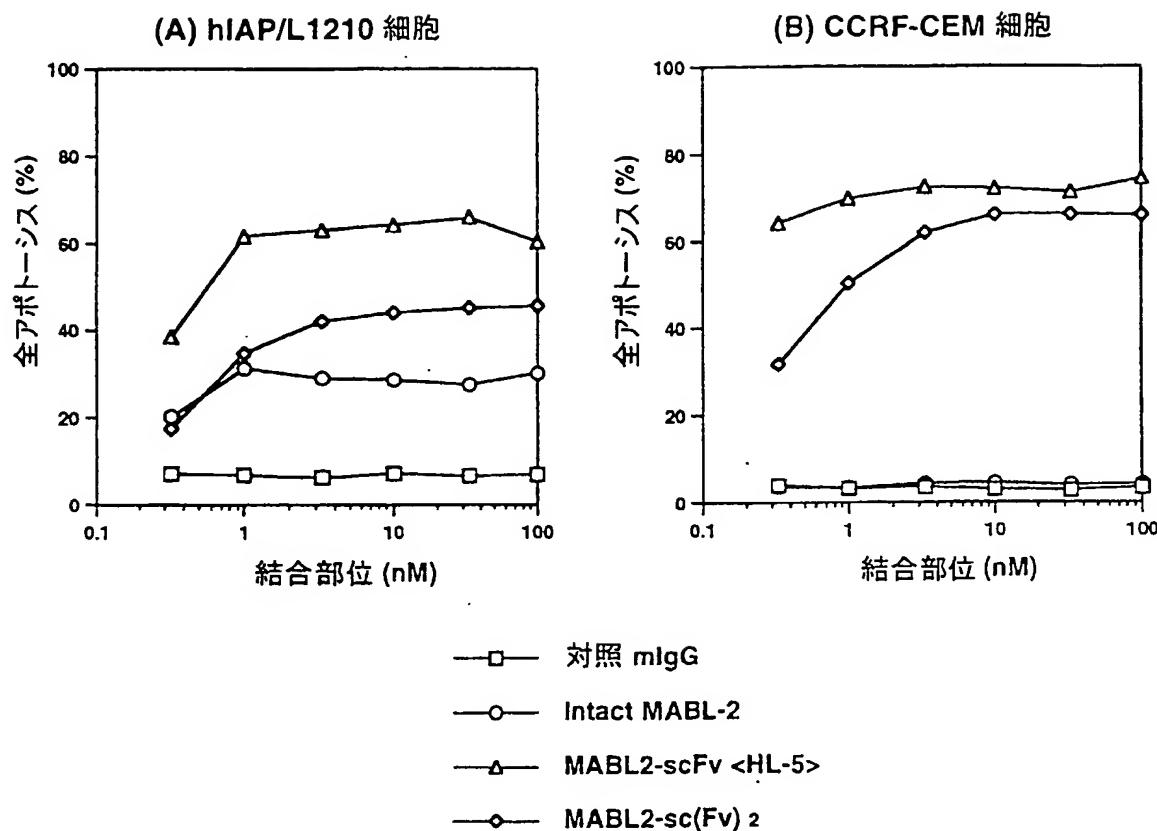
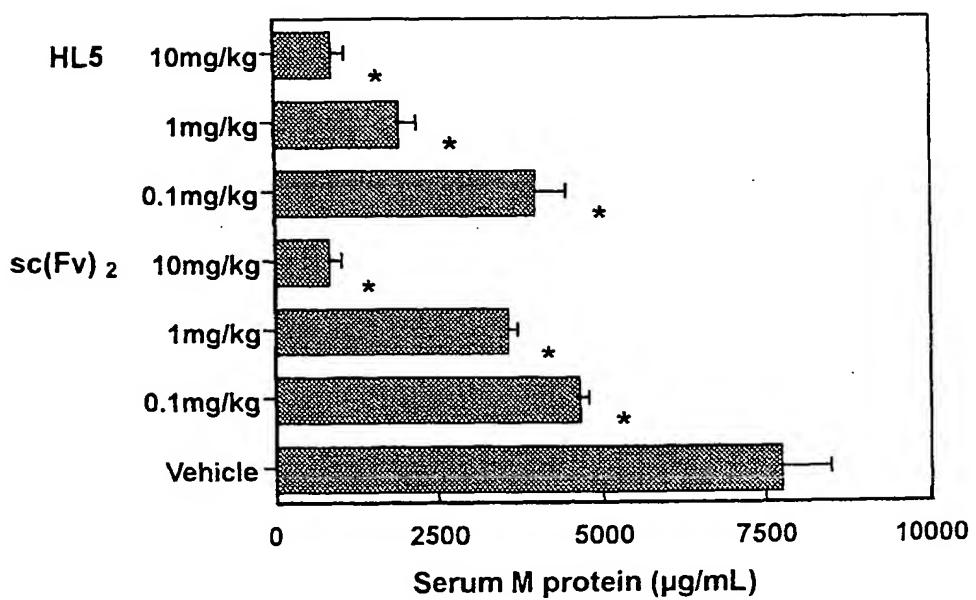


図 4 4



37/49

図 4 5

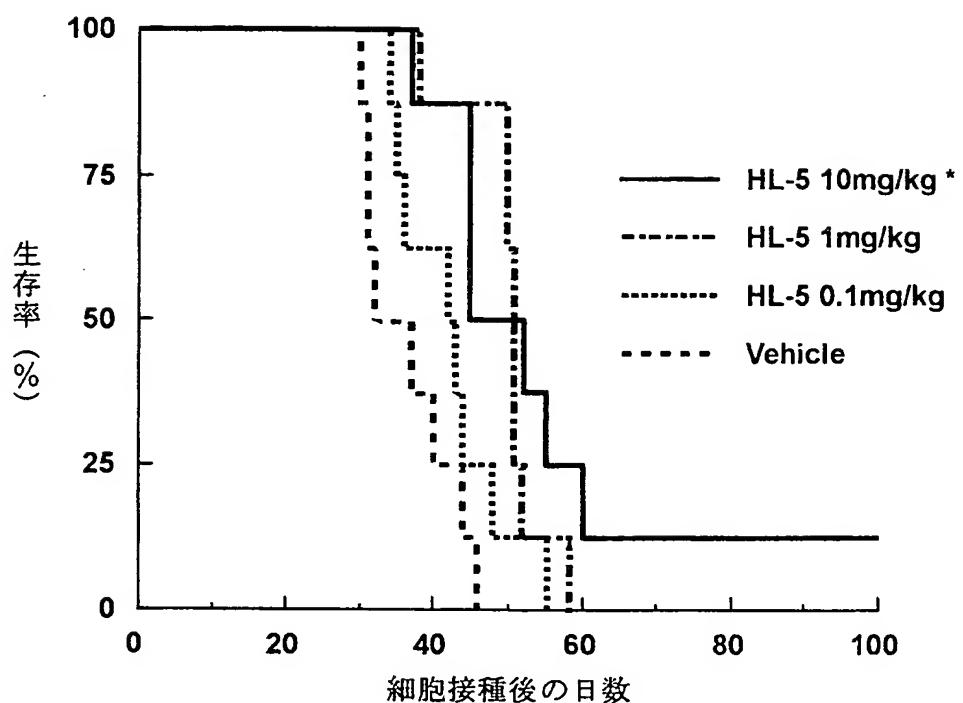


図 4 6

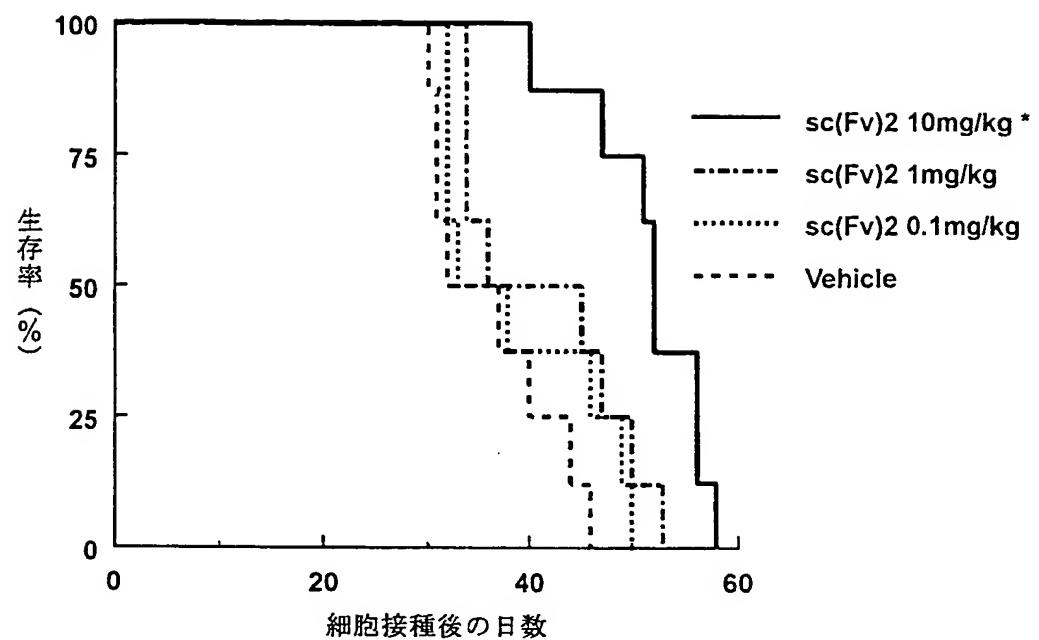


図 4 7

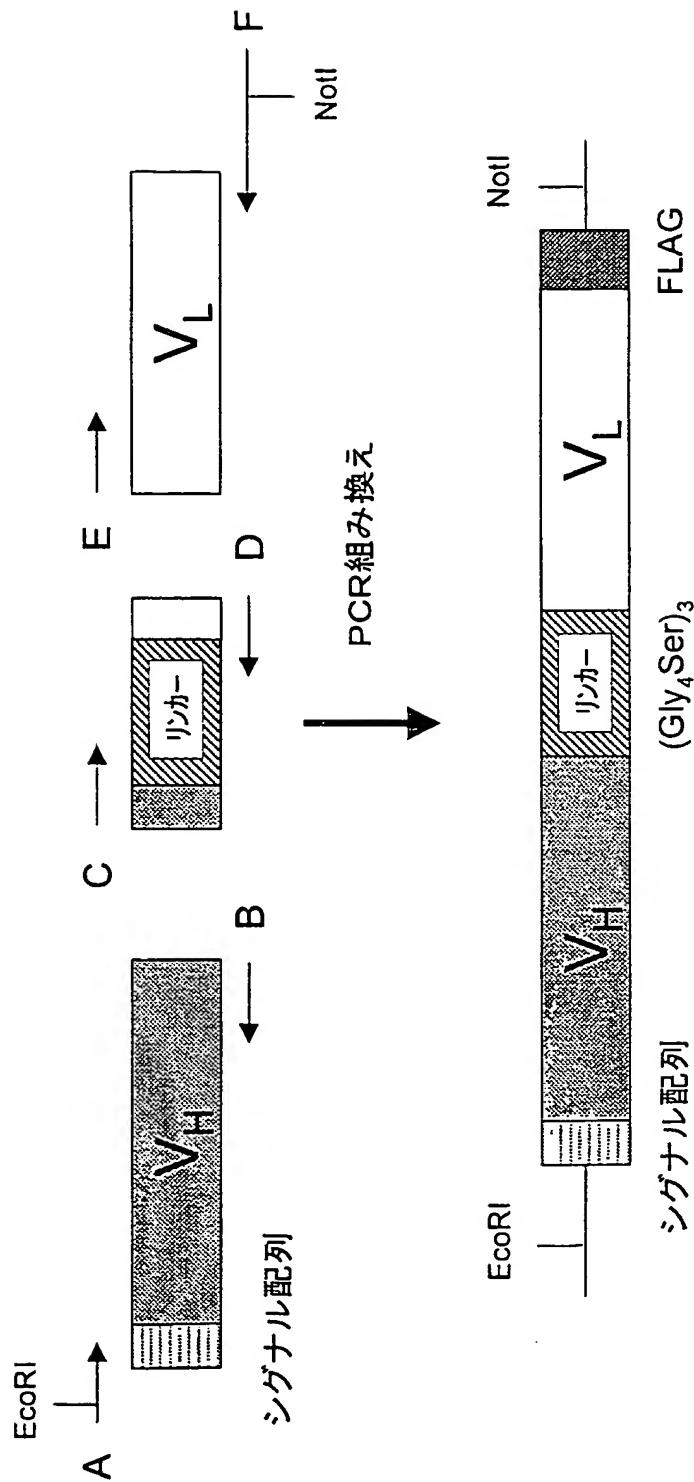


図 4.8

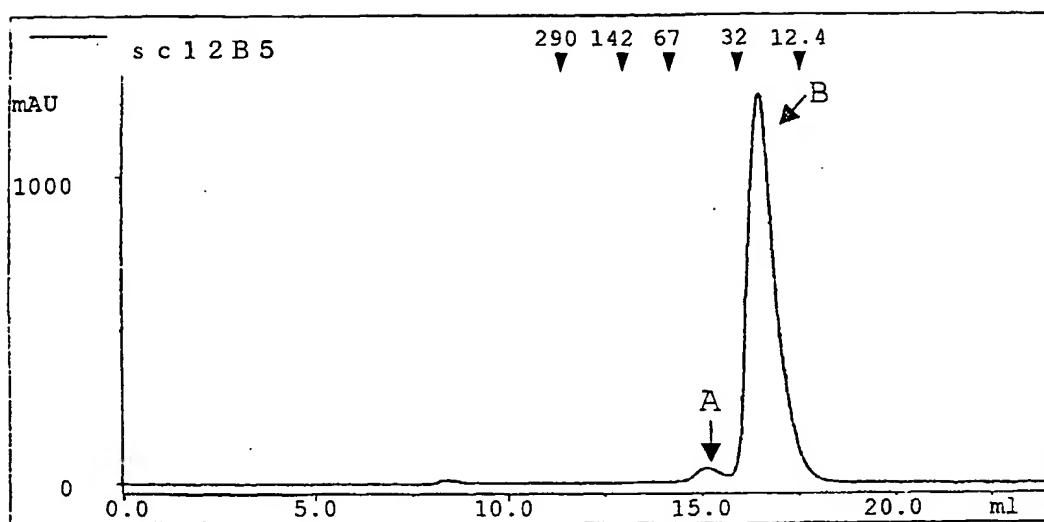


図49

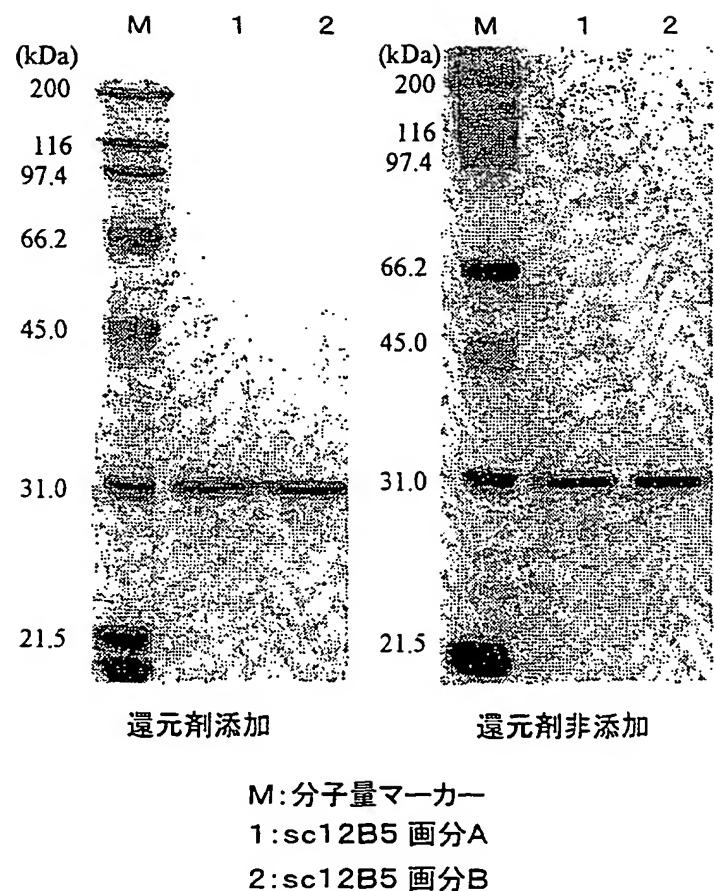


図 5 0

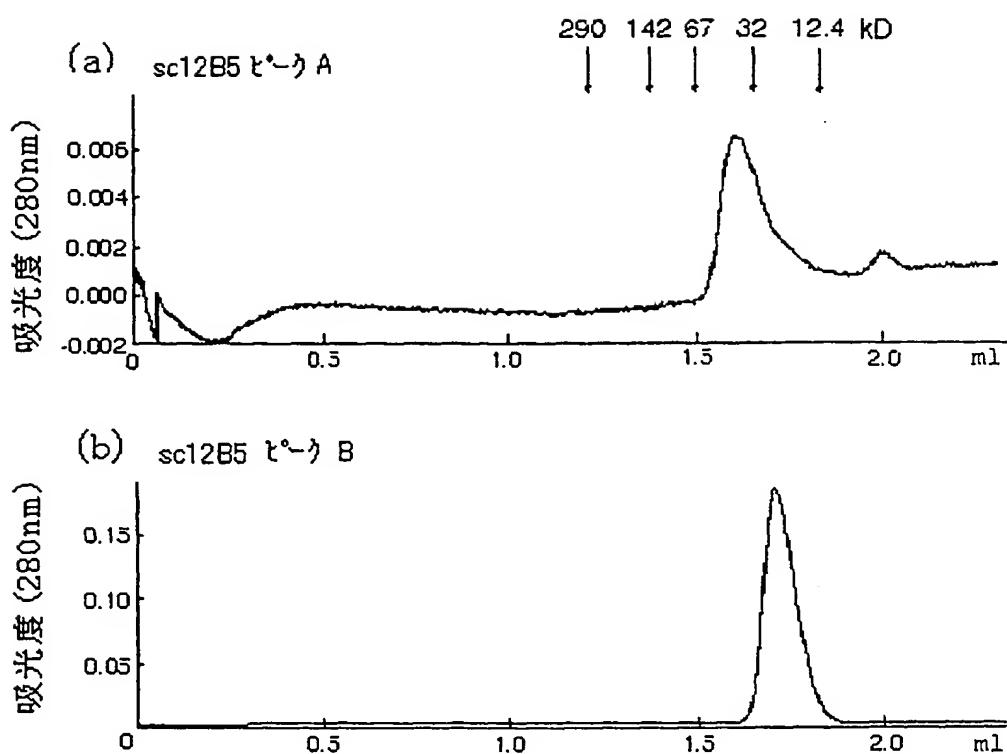


図 5 1

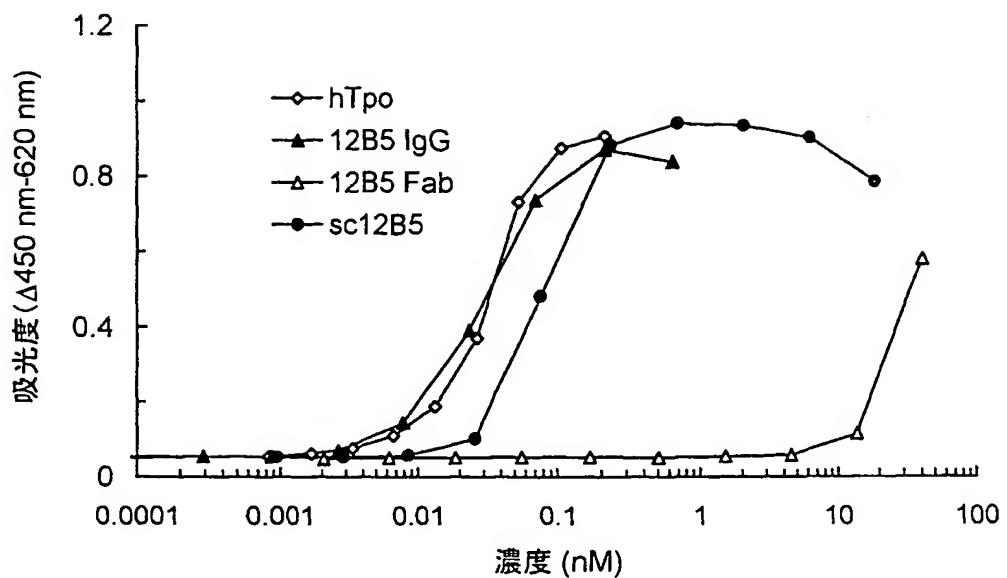
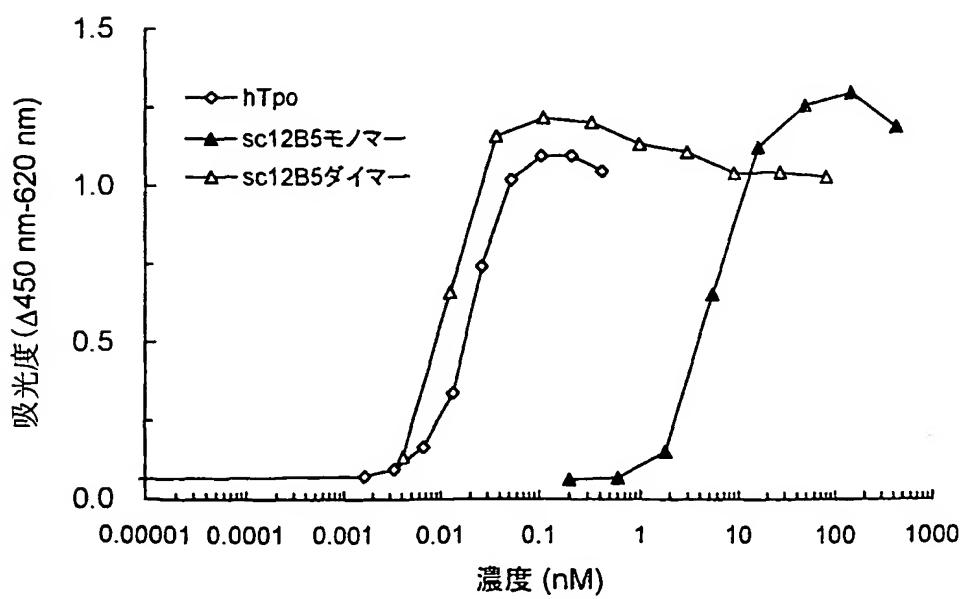


図 5 2



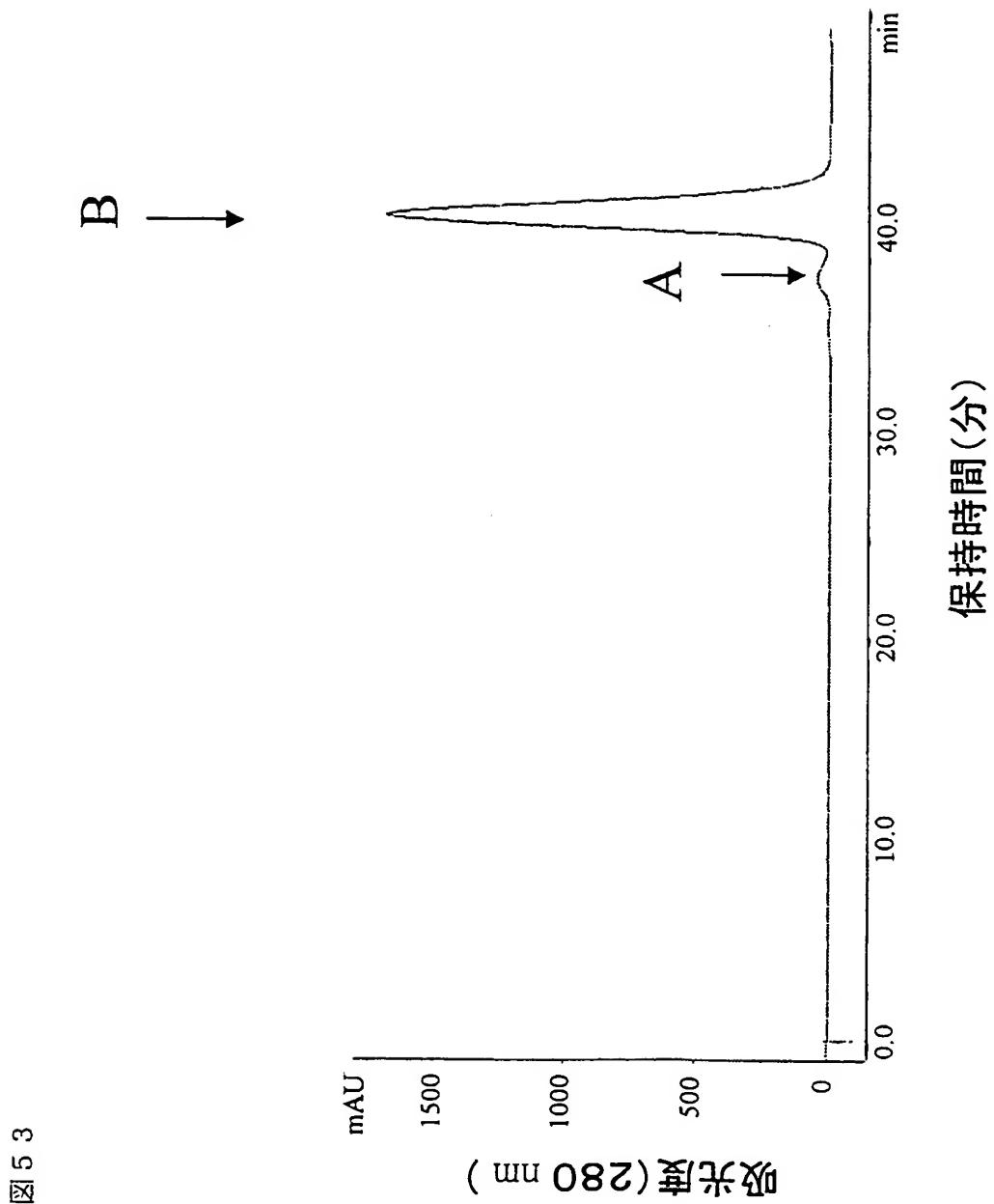


図 5 3

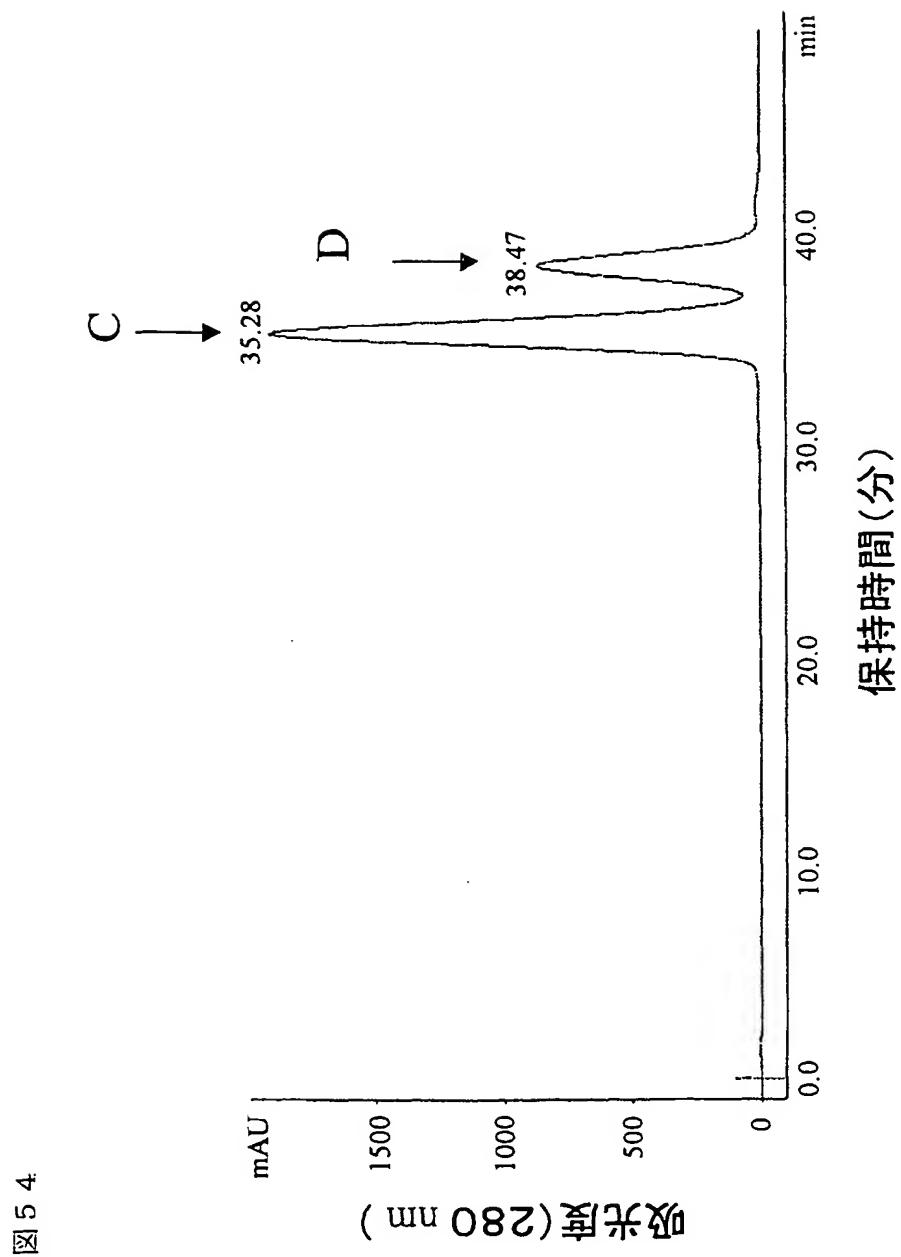


図 5 5

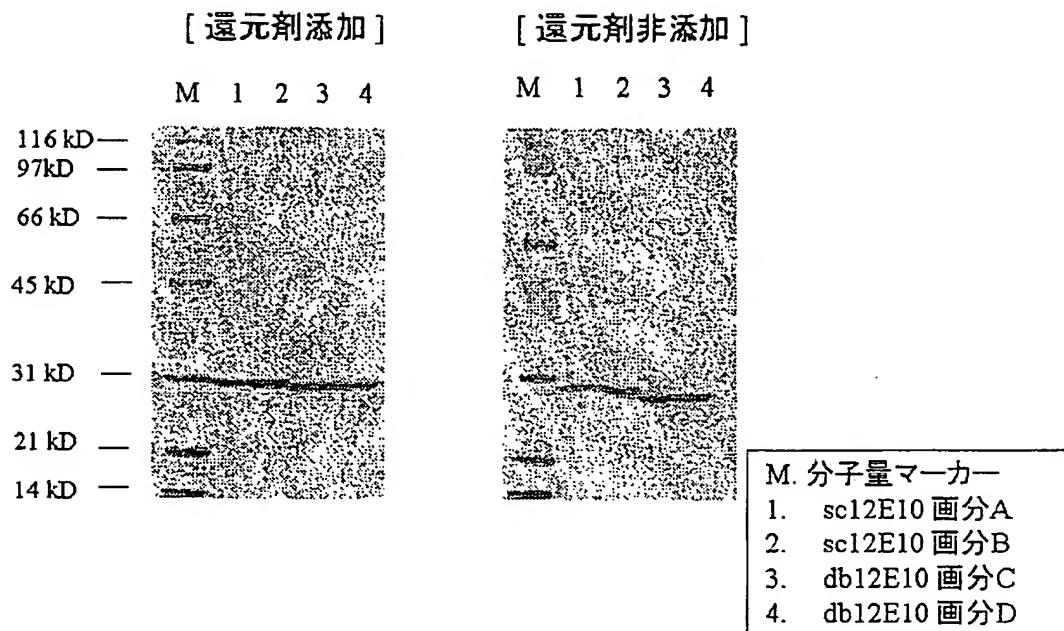


図 5 6

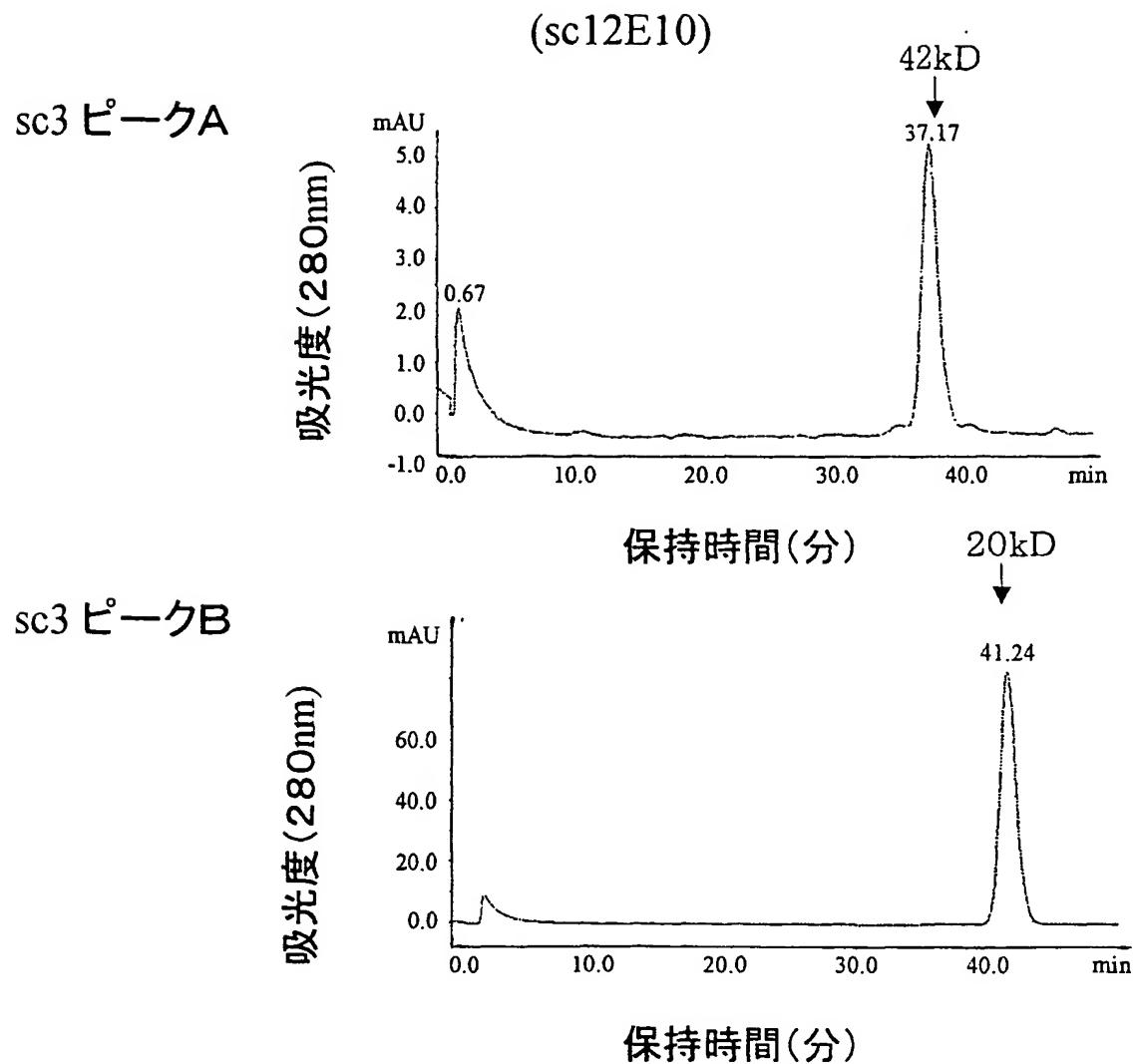


図 5 7

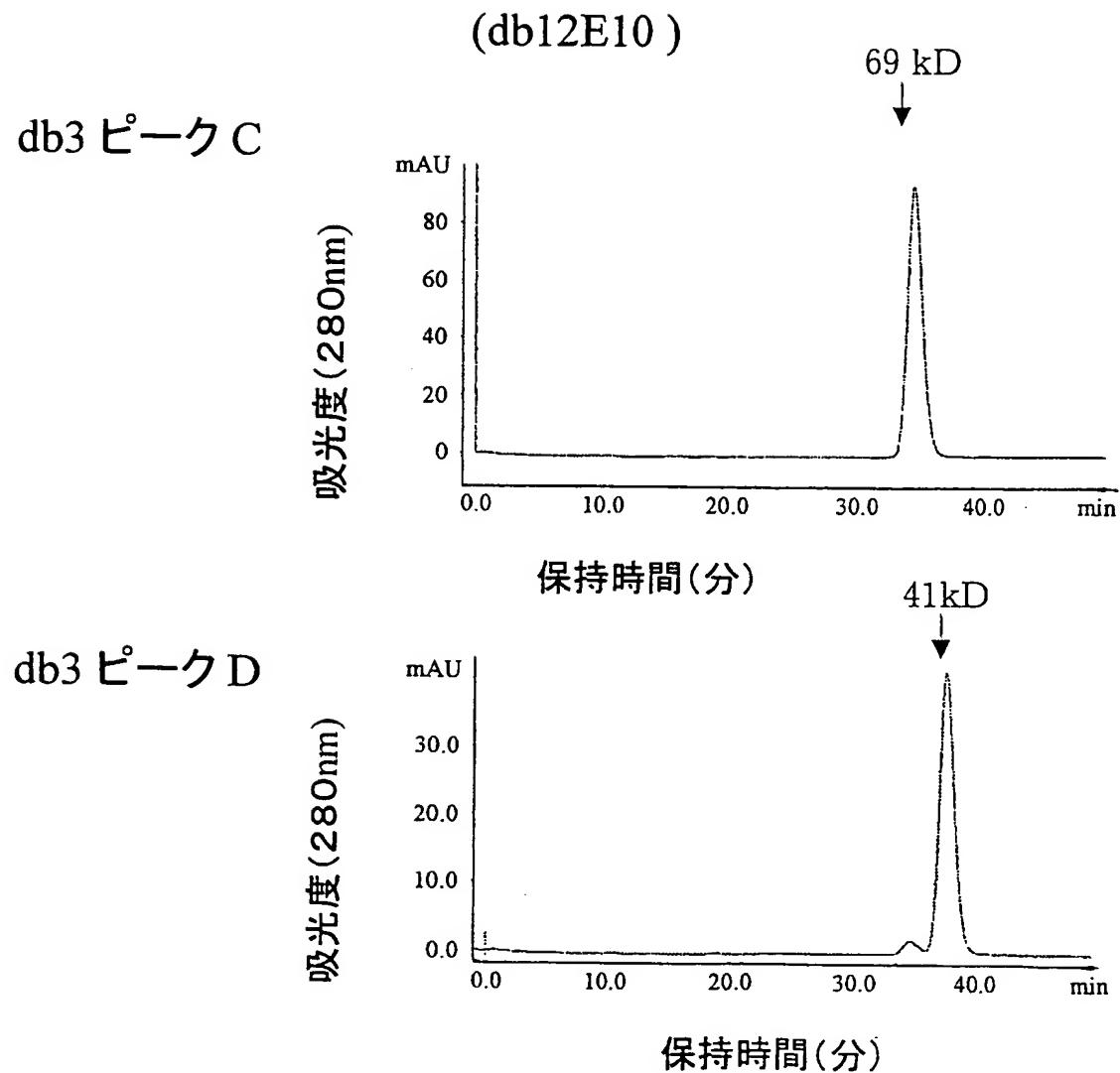


図 5.8

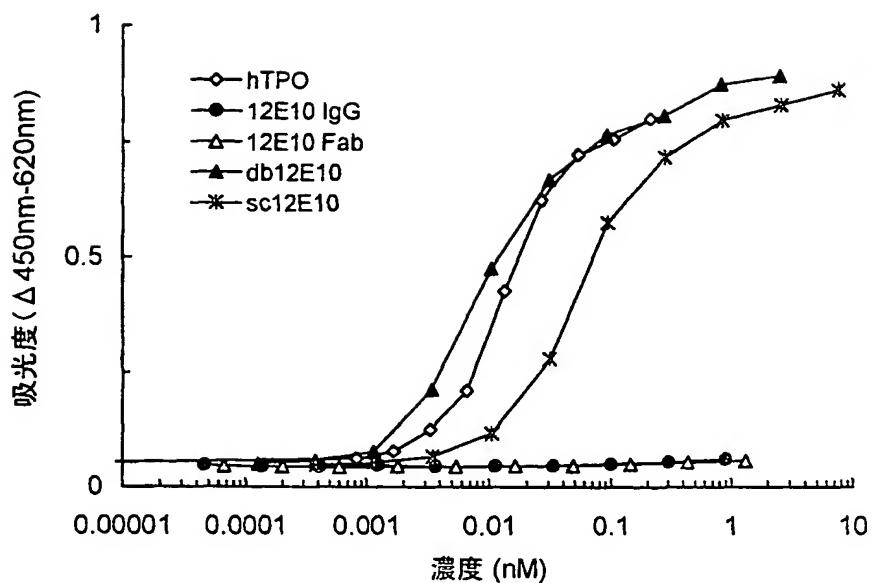
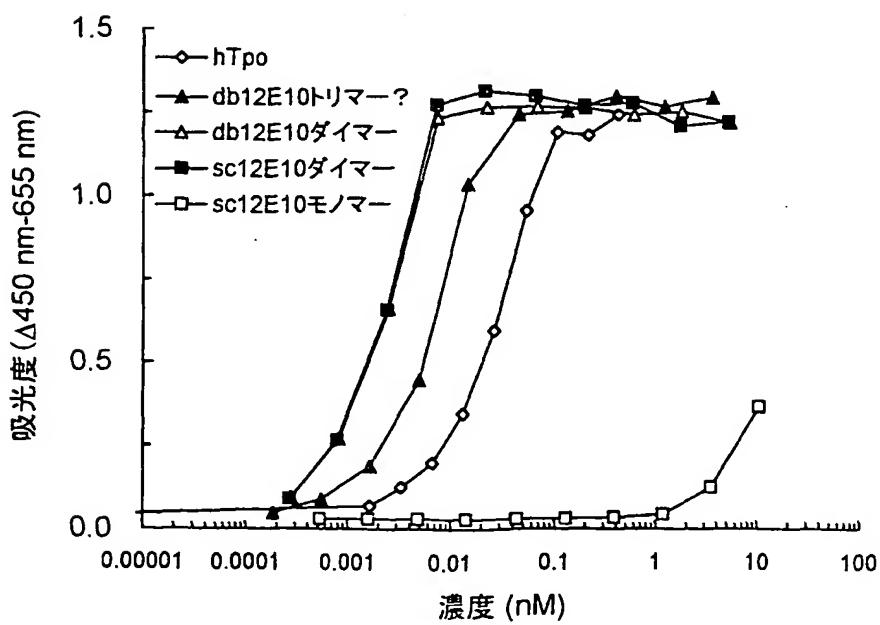


図 5.9



SEQUENCE LISTING

<110> CHUGAI SEIYAKU KABUSHIKI KAISHA

<120> Small remodeling agonist antibody against TPO

<130> FP1033

<141> 2001-10-22

<150> JP2000-321821

<151> 2000-10-20

<150> PCT/JP01/03288

<151> 2001-04-17

<150> JP2001-277314

<151> 2001-09-12

<160> 113

<210> 1

<211> 27

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> PCR primer

<400> 1

ccatcctaat acgactcact atagggc 27

<210> 2

<211> 27

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> PCR primer

<400> 2

ggatcccggg tggatggtggaagatg 27

<210> 3

<211> 28

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> PCR primer

<400> 3

ggatcccggg ccagtggata gacagatg 28

<210> 4

<211> 26

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> PCR primer

<400> 4

ggatcccggg agtggataga ccgatg 26

<210> 5

<211> 394

<212> DNA

<213> Mus

<220>

<221> CDS

<222> (1)... (393)

<223> pGEM-M1L. 1-57;signal peptide, 58-394;mature peptide

<400> 5

atg aag ttg cct gtt agg ctg ttg gtg ctg atg ttc tgg att cct gcg 48

Met Lys Leu Pro Val Arg Leu Leu Val Leu Met Phe Trp Ile Pro Ala

1

5

10

15

tcc agc agt gat gtt gtg atg acc caa act cca ctc tcc ctg cct gtc 96

Ser Ser Ser Asp Val Val Met Thr Gln Thr Pro Leu Ser Leu Pro Val

20

25

30

agt ctt gga gat caa gcc tcc atc tct tgc aga tct agt cag agc ctt 144

Ser Leu Gly Asp Gln Ala Ser Ile Ser Cys Arg Ser Ser Gln Ser Leu

35

40

45

cta cac agt aaa gga aac acc tat tta caa tgg tac cta cag aag cca 192

Leu His Ser Lys Gly Asn Thr Tyr Leu Gln Trp Tyr Leu Gln Lys Pro

50

55

60

ggc cag tct cca aag ctc ctg atc tac aaa gtt tcc aac cga ttt tct 240

Gly Gln Ser Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Lys Val Ser Asn Arg Phe Ser

65

70

75

80

ggg gtc cca gac agg ttc agt ggc agt gga tca ggg aca gat ttc aca 288

Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr

85

90

95

ctc aag atc agc aga gtg gag gct gag gat ctg gga gtt tat ttc tgc 336

Leu Lys Ile Ser Arg Val Glu Ala Glu Asp Leu Gly Val Tyr Phe Cys

100

105

110

tct caa agt aca cat gtt ccg tac acg tcc gga ggg ggg acc aag ctg 384

Ser Gln Ser Thr His Val Pro Tyr Thr Ser Gly Gly Thr Lys Leu

115

120

125

gaa ata aaa c 394

Glu Ile Lys

130

<210> 6

<211> 409

<212> DNA

<213> Mus

<220>

<221> CDS

<222> (1)...(408)

<223> pGEM-M1H. 1-57;signal peptide, 58-409;mature peptide

<400> 6

atg gaa tgg agc tgg ata ttt ctc ttc ctc ctg tca gga act gca ggt 48

Met Glu Trp Ser Trp Ile Phe Leu Phe Leu Leu Ser Gly Thr Ala Gly

1

5

10

15

gtc cac tcc cag gtc cag ctg cag cag tct gga cct gac ctg gta aag 96

Val His Ser Gln Val Gln Leu Gln Gln Ser Gly Pro Asp Leu Val Lys

20

25

30

cct ggg gct tca gtg aag atg tcc tgc aag gct tct gga tac acc ttc 144

Pro Gly Ala Ser Val Lys Met Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe

35

40

45

gtt aac cat gtt atg cac tgg gtg aag cag aag cca ggg cag ggc ctt 192

Val Asn His Val Met His Trp Val Lys Gln Lys Pro Gly Gln Gly Leu

50

55

60

gag tgg att gga tat att tat cct tac aat gat ggt act aag tac aat 240

Glu Trp Ile Gly Tyr Ile Tyr Pro Tyr Asn Asp Gly Thr Lys Tyr Asn

65

70

75

80

gag aag ttc aag ggc aag gcc aca ctg act tca gag aaa tcc tcc agc 288

Glu Lys Phe Lys Gly Lys Ala Thr Leu Thr Ser Glu Lys Ser Ser Ser

85

90

95

gca gcc tac atg gag ctc agc agc ctg gcc tct gag gac tct gcg gtc 336

Ala Ala Tyr Met Glu Leu Ser Ser Leu Ala Ser Glu Asp Ser Ala Val

100

105

110

tac tac tgt gca aga ggg ggt tac tat agt tac gac gac tgg ggc caa 384

Tyr Tyr Cys Ala Arg Gly Gly Tyr Tyr Ser Tyr Asp Asp Trp Gly Gln

115

120

125

ggc acc act ctc aca gtc tcc tca g 409

Gly Thr Thr Leu Thr Val Ser Ser

130

135

<210> 7

<211> 394

<212> DNA

<213> Mus

<220>

<221> CDS

<222> (1)...(393)

<223> pGEM-M2L. 1-57;signal peptide, 58-394;mature peptide

<400> 7

atg aag ttg cct gtt agg ctg ttg gtg ctg atg ttc tgg att cct ggt 48

Met Lys Leu Pro Val Arg Leu Leu Val Leu Met Phe Trp Ile Pro Gly

1

5

10

15

tcc agc agt gat gtt gtg atg acc caa agt cca ctc tcc ctg cct gtc 96

Ser Ser Ser Asp Val Val Met Thr Gln Ser Pro Leu Ser Leu Pro Val

20

25

30

agt ctt gga gat caa gcc tcc atc tct tgc aga tca agt cag agc ctt 144
Ser Leu Gly Asp Gln Ala Ser Ile Ser Cys Arg Ser Ser Gln Ser Leu
35 40 45
gtg cac agt aat gga aag acc tat tta cat tgg tac ctg cag aag cca 192
Val His Ser Asn Gly Lys Thr Tyr Leu His Trp Tyr Leu Gln Lys Pro
50 55 60
ggc cag tct cca aaa ctc ctg atc tac aaa gtt tcc aac cga ttt tct 240
Gly Gln Ser Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Lys Val Ser Asn Arg Phe Ser
65 70 75 80
ggg gtc cca gac agg ttc agt ggc agt gga tca gtg aca gat ttc aca 288
Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Val Thr Asp Phe Thr
85 90 95
ctc atg atc agc aga gtg gag gct gag gat ctg gga gtt tat ttc tgc 336
Leu Met Ile Ser Arg Val Glu Ala Glu Asp Leu Gly Val Tyr Phe Cys
100 105 110
tct caa agt aca cat gtt ccg tac acg ttc gga ggg ggg acc aag ctg 384
Ser Gln Ser Thr His Val Pro Tyr Thr Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu
115 120 125
gaa ata aaa c 394
Glu Ile Lys
130

<210> 8

<211> 409

<212> DNA

<213> Mus

<220>

<221> CDS

<222> (1)... (408)

<223> pGEM-M2H. 1-57;signal peptide, 58-409;mature peptide

<400> 8

atg gaa tgg agc tgg ata ttt ctc ttc ctc ctg tca gga act gca ggt 48

Met Glu Trp Ser Trp Ile Phe Leu Phe Leu Leu Ser Gly Thr Ala Gly

1 5 10 15

gtc cac tcc cag gtc cag ctg cag cag tct gga cct gaa ctg gta aag 96

Val His Ser Gln Val Gln Leu Gln Gln Ser Gly Pro Glu Leu Val Lys

20 25 30

cct ggg gct tca gtg aag atg tcc tgc aag gct tct gga tac acc ttc 144

Pro Gly Ala Ser Val Lys Met Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe

35 40 45

gct aac cat gtt att cac tgg gtg aag cag aag cca ggg cag ggc ctt 192

Ala Asn His Val Ile His Trp Val Lys Gln Lys Pro Gly Gln Gly Leu

50 55 60

gag tgg att gga tat att tat cct tac aat gat ggt act aag tat aat 240

Glu Trp Ile Gly Tyr Ile Tyr Pro Tyr Asn Asp Gly Thr Lys Tyr Asn

65 70 75 80

gag aag ttc aag gac aag gcc act ctg act tca gac aaa tcc tcc acc 288

Glu Lys Phe Lys Asp Lys Ala Thr Leu Thr Ser Asp Lys Ser Ser Thr

85 90 95

aca gcc tac atg gac ctc agc agc ctg gcc tct gag gac tct gcg gtc 336

Thr Ala Tyr Met Asp Leu Ser Ser Leu Ala Ser Glu Asp Ser Ala Val

100 105 110

tat tac tgt gca aga ggg ggt tac tat act tac gac gac tgg ggc caa 384

Tyr Tyr Cys Ala Arg Gly Gly Tyr Tyr Thr Tyr Asp Asp Trp Gly Gln

115 120 125

ggc acc act ctc aca gtc tcc tca g 409

Gly Thr Thr Leu Thr Val Ser Ser

130 135

<210> 9

<211> 32

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> PCR primer

<400> 9

cccaagcttc caccatgaag ttgcctgtta gg 32

<210> 10

<211> 32

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> PCR primer

<400> 10

cccaagcttc caccatggaa tggagctgga ta 32

<210> 11

<211> 34

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> PCR primer

<400> 11

cgcgatcca ctcacgtttt atttccagct tggt 34

<210> 12

<211> 34

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> PCR primer

<400> 12

cgcgatcca ctcacctgag gagactgtga gagt 34

<210> 13

<211> 30

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> PCR primer

<400> 13

catgccatgg cgcaggatcca gctgcagcag 30

<210> 14

<211> 27

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> PCR primer

<400> 14

accaccaccc gaggagactg tgagagt 27

<210> 15

<211> 27

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> PCR primer

<400> 15

gtctccctcag gtgggtgg ttcgggt 27

<210> 16

<211> 27

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> PCR primer

<400> 16

cacaacatcc gatccgccac cacccga 27

<210> 17

<211> 27

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> PCR primer

<400> 17

ggcggatcg atgttgtat gacccaa 27

<210> 18

<211> 57

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> PCR primer

<400> 18

ccggaattct cattatttat cgtcatcgtc tttgttagtct tttatttcca gcttggt 57

<210> 19

<211> 45

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Linker amino acid sequence and nucleotide sequence

<400> 19

ggg ggt ggt ggt tcg ggt ggt ggt tcg ggt ggt ggc gga tcg 45

Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Ser

5

10

15

<210> 20

<211> 828

<212> DNA

<213> Mus

<220>

<221> CDS

<222> (1)...(822)

<223> pscM1. MABL1-scFv

<400> 20

atg aaa tac cta ttg cct acg gca gcc gct gga ttg tta tta ctc gct 48

Met Lys Tyr Leu Leu Pro Thr Ala Ala Ala Gly Leu Leu Leu Ala

1 5 10 15

gcc caa cca gcc atg gcg cag gtc cag ctg cag cag tct gga cct gac 96

Ala Gln Pro Ala Met Ala Gln Val Gln Leu Gln Gln Ser Gly Pro Asp

20 25 30

ctg gta aag cct ggg gct tca gtg aag atg tcc tgc aag gct tct gga 144

Leu Val Lys Pro Gly Ala Ser Val Lys Met Ser Cys Lys Ala Ser Gly

35 40 45

tac acc ttc gtt aac cat gtt atg cac tgg gtg aag cag aag cca ggg 192

Tyr Thr Phe Val Asn His Val Met His Trp Val Lys Gln Lys Pro Gly

50 55 60

cag ggc ctt gag tgg att gga tat att tat cct tac aat gat ggt act 240

Gln Gly Leu Glu Trp Ile Gly Tyr Ile Tyr Pro Tyr Asn Asp Gly Thr

65 70 75 80

aag tac aat gag aag ttc aag ggc aag gcc aca ctg act tca gag aaa 288

Lys Tyr Asn Glu Lys Phe Lys Gly Lys Ala Thr Leu Thr Ser Glu Lys

85 90 95

tcc tcc agc gca gcc tac atg gag ctc agc agc ctg gcc tct gag gac 336

Ser Ser Ser Ala Ala Tyr Met Glu Leu Ser Ser Leu Ala Ser Glu Asp

100 105 110

tct gcg gtc tac tac tgt gca aga ggg ggt tac tat agt tac gac gac 384

Ser Ala Val Tyr Tyr Cys Ala Arg Gly Gly Tyr Tyr Ser Tyr Asp Asp

115 120 125

tgg ggc caa ggc acc act ctc aca gtc tcc tca ggt ggt ggt tcg 432

Trp Gly Gln Gly Thr Thr Leu Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Ser

130 135 140

ggt ggt ggt ggt tcg ggt ggc gga tcg gat gtt gtg atg acc caa 480
Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Ser Asp Val Val Met Thr Gln
145 150 155 160
act cca ctc tcc ctg cct gtc agt ctt gga gat caa gcc tcc atc tct 528
Thr Pro Leu Ser Leu Pro Val Ser Leu Gly Asp Gln Ala Ser Ile Ser
165 170 175
tgc aga tct agt cag agc ctt cta cac agt aaa gga aac acc tat tta 576
Cys Arg Ser Ser Gln Ser Leu Leu His Ser Lys Gly Asn Thr Tyr Leu
180 185 190
caa tgg tac cta cag aag cca ggc cag tct cca aag ctc ctg atc tac 624
Gln Trp Tyr Leu Gln Lys Pro Gly Gln Ser Pro Lys Leu Leu Ile Tyr
195 200 205
aaa gtt tcc aac cga ttt tct ggg gtc cca gac agg ttc agt ggc agt 672
Lys Val Ser Asn Arg Phe Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser
210 215 220
gga tca ggg aca gat ttc aca ctc aag atc agc aga gtg gag gct gag 720
Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Lys Ile Ser Arg Val Glu Ala Glu
225 230 235 240
gat ctg gga gtt tat ttc tgc tct caa agt aca cat gtt ccg tac acg 768
Asp Leu Gly Val Tyr Phe Cys Ser Gln Ser Thr His Val Pro Tyr Thr
245 250 255
tcc gga ggg ggg acc aag ctg gaa ata aaa gac tac aaa gac gat gac 816
Ser Gly Gly Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys Asp Tyr Lys Asp Asp Asp
260 265 270
gat aaa taatga 828
Asp Lys

<211> 31

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> PCR primer

<400> 21

acgcgtcgac tcccgaggcc agctgcagca g 31

<210> 22

<211> 18

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> PCR primer

<400> 22

gaagggtgtat ccagaagc 18

<210> 23

<211> 819

<212> DNA

<213> Mus

<220>

<221> CDS

<222> (1)...(813)

<223> pCHOM1. MABL1-scFv

<400> 23

atg gga tgg agc tgt atc atc ctc ttc ttg gta gca aca gct aca ggt 48

Met Gly Trp Ser Cys Ile Ile Leu Phe Leu Val Ala Thr Ala Thr Gly

1	5	10	15
gtc gac tcc cag gtc cag ctg cag cag tct gga cct gac ctg gta aag			96
Val Asp Ser Gln Val Gln Leu Gln Gln Ser Gly Pro Asp Leu Val Lys			
	20	25	30
cct ggg gct tca gtg aag atg tcc tgc aag gct tct gga tac acc ttc			144
Pro Gly Ala Ser Val Lys Met Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe			
	35	40	45
gtt aac cat gtt atg cac tgg gtg aag cag aag cca ggg cag ggc ctt			192
Val Asn His Val Met His Trp Val Lys Gln Lys Pro Gly Gln Gly Leu			
	50	55	60
gag tgg att gga tat att tat cct tac aat gat ggt act aag tac aat			240
Glu Trp Ile Gly Tyr Ile Tyr Pro Tyr Asn Asp Gly Thr Lys Tyr Asn			
	65	70	75
gag aag ttc aag ggc aag gcc aca ctg act tca gag aaa tcc tcc agc			288
Glu Lys Phe Lys Gly Lys Ala Thr Leu Thr Ser Glu Lys Ser Ser Ser			
	85	90	95
gca gcc tac atg gag ctc agc agc ctg gcc tct gag gac tct gcg gtc			336
Ala Ala Tyr Met Glu Leu Ser Ser Leu Ala Ser Glu Asp Ser Ala Val			
	100	105	110
tac tac tgt gca aga ggg ggt tac tat agt tac gac gac tgg ggc caa			384
Tyr Tyr Cys Ala Arg Gly Gly Tyr Tyr Ser Tyr Asp Asp Trp Gly Gln			
	115	120	125
ggc acc act ctc aca gtc tcc tca ggt ggt ggt ggt tcg ggt ggt ggt			432
Gly Thr Thr Leu Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly			
	130	135	140
ggt tcg ggt ggt ggc gga tcg gat gtt gtg atg acc caa act cca ctc			480
Gly Ser Gly Gly Gly Ser Asp Val Val Met Thr Gln Thr Pro Leu			
	145	150	155
			160

tcc ctg cct gtc agt ctt gga gat caa gcc tcc atc tct tgc aga tct 528
Ser Leu Pro Val Ser Leu Gly Asp Gln Ala Ser Ile Ser Cys Arg Ser
165 170 175
agt cag agc ctt cta cac agt aaa gga aac acc tat tta caa tgg tac 576
Ser Gln Ser Leu Leu His Ser Lys Gly Asn Thr Tyr Leu Gln Trp Tyr
180 185 190
cta cag aag cca ggc cag tct cca aag ctc ctg atc tac aaa gtt tcc 624
Leu Gln Lys Pro Gly Gln Ser Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Lys Val Ser
195 200 205
aac cga ttt tct ggg gtc cca gac agg ttc agt ggc agt gga tca ggg 672
Asn Arg Phe Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly
210 215 220
aca gat ttc aca ctc aag atc agc aga gtg gag gct gag gat ctg gga 720
Thr Asp Phe Thr Leu Lys Ile Ser Arg Val Glu Ala Glu Asp Leu Gly
225 230 235 240
gtt tat ttc tgc tct caa agt aca cat gtt ccg tac acg tcc gga ggg 768
Val Tyr Phe Cys Ser Gln Ser Thr His Val Pro Tyr Thr Ser Gly Gly
245 250 255
ggg acc aag ctg gaa ata aaa gac tac aaa gac gat gac gat aaa taa 816
Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys Asp Tyr Lys Asp Asp Asp Lys
260 265 270
tga 819

<210> 24

<211> 828

<212> DNA

<213> Mus

<220>

<221> CDS

<222> (1)... (822)

<223> pscM2. MABL2-scFv

<400> 24

atg aaa tac cta ttg cct acg gca gcc gct gga ttg tta tta ctc gct 48

Met Lys Tyr Leu Leu Pro Thr Ala Ala Ala Gly Leu Leu Leu Ala

1

5

10

15

gcc caa cca gcc atg gcg cag gtc cag ctg cag cag tct gga cct gaa 96

Ala Gln Pro Ala Met Ala Gln Val Gln Leu Gln Gln Ser Gly Pro Glu

20

25

30

ctg gta aag cct ggg gct tca gtg aag atg tcc tgc aag gct tct gga 144

Leu Val Lys Pro Gly Ala Ser Val Lys Met Ser Cys Lys Ala Ser Gly

35

40

45

tac acc ttc gct aac cat gtt att cac tgg gtg aag cag aag cca ggg 192

Tyr Thr Phe Ala Asn His Val Ile His Trp Val Lys Gln Lys Pro Gly

50

55

60

cag ggc ctt gag tgg att gga tat att tat cct tac aat gat ggt act 240

Gln Gly Leu Glu Trp Ile Gly Tyr Ile Tyr Pro Tyr Asn Asp Gly Thr

65

70

75

80

aag tat aat gag aag ttc aag gac aag gcc act ctg act tca gac aaa 288

Lys Tyr Asn Glu Lys Phe Lys Asp Lys Ala Thr Leu Thr Ser Asp Lys

85

90

95

tcc tcc acc aca gcc tac atg gac ctc agc agc ctg gcc tct gag gac 336

Ser Ser Thr Thr Ala Tyr Met Asp Leu Ser Ser Leu Ala Ser Glu Asp

100

105

110

tct gcg gtc tat tac tgt gca aga ggg ggt tac tat act tac gac gac 384

Ser Ala Val Tyr Tyr Cys Ala Arg Gly Gly Tyr Tyr Thr Tyr Asp Asp

115

120

125

tgg ggc caa ggc acc act ctc aca gtc tcc tca ggt ggt ggt tcg 432
Trp Gly Gln Gly Thr Thr Leu Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Ser
130 135 140
ggt ggt ggt ggt tcg ggt ggc gga tcg gat gtt gtg atg acc caa 480
Gly Gly Gly Ser Gly Gly Ser Asp Val Val Met Thr Gln
145 150 155 160
agt cca ctc tcc ctg cct gtc agt ctt gga gat caa gcc tcc atc tct 528
Ser Pro Leu Ser Leu Pro Val Ser Leu Gly Asp Gln Ala Ser Ile Ser
165 170 175
tgc aga tca agt cag agc ctt gtg cac agt aat gga aag acc tat tta 576
Cys Arg Ser Ser Gln Ser Leu Val His Ser Asn Gly Lys Thr Tyr
180 185 190
cat tgg tac ctg cag aag cca ggc cag tct cca aaa ctc ctg atc tac 624
His Trp Tyr Leu Gln Lys Pro Gly Gln Ser Pro Lys Leu Leu Ile Tyr
195 200 205
aaa gtt tcc aac cga ttt tct ggg gtc cca gac agg ttc agt ggc agt 672
Lys Val Ser Asn Arg Phe Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser
210 215 220
gga tca gtg aca gat ttc aca ctc atg atc agc aga gtg gag gct gag 720
Gly Ser Val Thr Asp Phe Thr Leu Met Ile Ser Arg Val Glu Ala Glu
225 230 235 240
gat ctg gga gtt tat ttc tgc tct caa agt aca cat gtt ccg tac acg 768
Asp Leu Gly Val Tyr Phe Cys Ser Gln Ser Thr His Val Pro Tyr Thr
245 250 255
ttc gga ggg ggg acc aag ctg gaa ata aaa gac tac aaa gac gat gac 816
Phe Gly Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys Asp Tyr Lys Asp Asp Asp
260 265 270
gat aaa taatga 828

Asp Lys

<210> 25

<211> 819

<212> DNA

<213> Mus

<220>

<221> CDS

<222> (1)...(813)

<223> pCHOM2. MABL2-scFv

<400> 25

atg gga tgg agc tgt atc atc ctc ttc ttg gta gca aca gct aca ggt 48

Met Gly Trp Ser Cys Ile Ile Leu Phe Leu Val Ala Thr Ala Thr Gly

1

5

10

15

gtc gac tcc cag gtc cag ctg cag cag tct gga cct gaa ctg gta aag 96

Val Asp Ser Gln Val Gln Leu Gln Gln Ser Gly Pro Glu Leu Val Lys

20

25

30

cct ggg gct tca gtg aag atg tcc tgc aag gct tct gga tac acc ttc 144

Pro Gly Ala Ser Val Lys Met Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe

35

40

45

gct aac cat gtt att cac tgg gtg aag cag aag cca ggg cag ggc ctt 192

Ala Asn His Val Ile His Trp Val Lys Gln Lys Pro Gly Gln Gly Leu

50

55

60

gag tgg att gga tat att tat cct tac aat gat ggt act aag tat aat 240

Glu Trp Ile Gly Tyr Ile Tyr Pro Tyr Asn Asp Gly Thr Lys Tyr Asn

65

70

75

80

gag aag ttc aag gac aag gcc act ctg act tca gac aaa tcc tcc acc 288

Glu Lys Phe Lys Asp Lys Ala Thr Leu Thr Ser Asp Lys Ser Ser Thr

85	90	95	
aca gcc tac atg gac ctc agc agc ctg gcc tct gag gac tct gcg gtc	336		
Thr Ala Tyr Met Asp Leu Ser Ser Leu Ala Ser Glu Asp Ser Ala Val			
100	105	110	
tat tac tgt gca aga ggg ggt tac tat act tac gac gac tgg ggc caa	384		
Tyr Tyr Cys Ala Arg Gly Gly Tyr Tyr Thr Tyr Asp Asp Trp Gly Gln			
115	120	125	
ggc acc act ctc aca gtc tcc tca ggt ggt ggt ggt tcg ggt ggt ggt	432		
Gly Thr Thr Leu Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly			
130	135	140	
ggt tcg ggt ggt ggc gga tcg gat gtt gtg atg acc caa agt cca ctc	480		
Gly Ser Gly Gly Ser Asp Val Val Met Thr Gln Ser Pro Leu			
145	150	155	160
tcc ctg cct gtc agt ctt gga gat caa gcc tcc atc tct tgc aga tca	528		
Ser Leu Pro Val Ser Leu Gly Asp Gln Ala Ser Ile Ser Cys Arg Ser			
165	170	175	
agt cag agc ctt gtg cac agt aat gga aag acc tat tta cat tgg tac	576		
Ser Gln Ser Leu Val His Ser Asn Gly Lys Thr Tyr Leu His Trp Tyr			
180	185	190	
ctg cag aag cca ggc cag tct cca aaa ctc ctg atc tac aaa gtt tcc	624		
Leu Gln Lys Pro Gly Gln Ser Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Lys Val Ser			
195	200	205	
aac cga ttt tct ggg gtc cca gac agg ttc agt ggc agt gga tca gtg	672		
Asn Arg Phe Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Val			
210	215	220	
aca gat ttc aca ctc atg atc agc aga gtg gag gct gag gat ctg gga	720		
Thr Asp Phe Thr Leu Met Ile Ser Arg Val Glu Ala Glu Asp Leu Gly			
225	230	235	240

gtt tat ttc tgc tct caa agt aca cat gtt ccg tac acg ttc gga ggg 768
Val Tyr Phe Cys Ser Gln Ser Thr His Val Pro Tyr Thr Phe Gly Gly
245 250 255
ggg acc aag ctg gaa ata aaa gac tac aaa gac gat gac gat aaa taa 816
Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys Asp Tyr Lys Asp Asp Asp Asp Lys
260 265 270
tga 819

<210> 26

<211> 456

<212> DNA

<213> Mus

<220>

<221> CDS

<222> (1)...(450)

<223> pCHO-shIAP. Soluble human IAP

<400> 26

atg tgg ccc ctg gta gcg gcg ctg ttg ctg ggc tcg gcg tgc tgc gga 48
Met Trp Pro Leu Val Ala Ala Leu Leu Leu Gly Ser Ala Cys Cys Gly

1 5 10 15

tca gct cag cta cta ttt aat aaa aca aaa tct gta gaa ttc acg ttt 96
Ser Ala Gln Leu Leu Phe Asn Lys Thr Lys Ser Val Glu Phe Thr Phe

20 25 30

tgt aat gac act gtc gtc att cca tgc ttt gtt act aat atg gag gca 144
Cys Asn Asp Thr Val Val Ile Pro Cys Phe Val Thr Asn Met Glu Ala

35 40 45

caa aac act act gaa gta tac gta aag tgg aaa ttt aaa gga aga gat 192
Gln Asn Thr Thr Glu Val Tyr Val Lys Trp Lys Phe Lys Gly Arg Asp

50 55 60
att tac acc ttt gat gga gct cta aac aag tcc act gtc ccc act gac 240
Ile Tyr Thr Phe Asp Gly Ala Leu Asn Lys Ser Thr Val Pro Thr Asp
65 70 75 80
ttt agt agt gca aaa att gaa gtc tca caa tta cta aaa gga gat gcc 288
Phe Ser Ser Ala Lys Ile Glu Val Ser Gln Leu Leu Lys Gly Asp Ala
85 90 95
tct ttg aag atg gat aag agt gat gct gtc tca cac aca gga aac tac 336
Ser Leu Lys Met Asp Lys Ser Asp Ala Val Ser His Thr Gly Asn Tyr
100 105 110
act tgt gaa gta aca gaa tta acc aga gaa ggt gaa acg atc atc gag 384
Thr Cys Glu Val Thr Glu Leu Thr Arg Glu Gly Glu Thr Ile Ile Glu
115 120 125
cta aaa tat cgt gtt gtt tca tgg ttt tct cca aat gaa aat gac tac 432
Leu Lys Tyr Arg Val Val Ser Trp Phe Ser Pro Asn Glu Asn Asp Tyr
130 135 140
aag gac gac gat gac aag tgatag 456
Lys Asp Asp Asp Asp Lys
145 150

<210> 27

<211> 46

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> PCR primer

<400> 27

ggaattccat atgcaagtgc aacttcaaca gtctggacct gaactg 46

<210> 28

<211> 31

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> PCR primer

<400> 28

ggaattctca ttattttatt tccagcttgg t 31

<210> 29

<211> 741

<212> DNA

<213> Mus

<220>

<221> CDS

<222> (1)...(735)

<223> pscM2DEm02. MABL2-scFv

<400> 29

atg caa gtg caa ctt caa cag tct gga cct gaa ctg gta aag cct ggg 48

Met Gln Val Gln Leu Gln Gln Ser Gly Pro Glu Leu Val Lys Pro Gly

1

5

10

15

gct tca gtg aag atg tcc tgc aag gct tct gga tac acc ttc got aac 96

Ala Ser Val Lys Met Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Ala Asn

20

25

30

cat gtt att cac tgg gtg aag cag aag cca ggg cag ggc ctt gag tgg 144

His Val Ile His Trp Val Lys Gln Lys Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp

35

40

45

att gga tat att tat cct tac aat gat ggt act aag tat aat gag aag 192
Ile Gly Tyr Ile Tyr Pro Tyr Asn Asp Gly Thr Lys Tyr Asn Glu Lys
50 55 60
ttc aag gac aag gcc act ctg act tca gac aaa tcc tcc acc aca gcc 240
Phe Lys Asp Lys Ala Thr Leu Thr Ser Asp Lys Ser Ser Thr Thr Ala
65 70 75 80
tac atg gac ctc agc agc ctg gcc tct gag gac tct gcg gtc tat tac 288
Tyr Met Asp Leu Ser Ser Leu Ala Ser Glu Asp Ser Ala Val Tyr Tyr
85 90 95
tgt gca aga ggg ggt tac tat act tac gac gac tgg ggc caa ggc acc 336
Cys Ala Arg Gly Gly Tyr Tyr Thr Tyr Asp Asp Trp Gly Gln Gly Thr
100 105 110
act ctc aca gtc tcc tca ggt ggt ggt ggt tcg ggt ggt ggt tcg 384
Thr Leu Thr Val Ser Ser Gly Gly Ser Gly Gly Gly Ser
115 120 125
ggt ggt ggc gga tcg gat gtt gtg atg acc caa agt cca ctc tcc ctg 432
Gly Gly Gly Ser Asp Val Val Met Thr Gln Ser Pro Leu Ser Leu
130 135 140
cct gtc agt ctt gga gat caa gcc tcc atc tct tgc aga tca agt cag 480
Pro Val Ser Leu Gly Asp Gln Ala Ser Ile Ser Cys Arg Ser Ser Gln
145 150 155 160
agc ctt gtg cac agt aat gga aag acc tat tta cat tgg tac ctg cag 528
Ser Leu Val His Ser Asn Gly Lys Thr Tyr Leu His Trp Tyr Leu Gln
165 170 175
aag cca ggc cag tct cca aaa ctc ctg atc tac aaa gtt tcc aac cga 576
Lys Pro Gly Gln Ser Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Lys Val Ser Asn Arg
180 185 190
ttt tct ggg gtc cca gac agg ttc agt ggc agt gga tca gtg aca gat 624

Phe Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Val Thr Asp
195 200 205
ttc aca ctc atg atc agc aga gtg gag gct gag gat ctg gga gtt tat 672
Phe Thr Leu Met Ile Ser Arg Val Glu Ala Glu Asp Leu Gly Val Tyr
210 215 220
ttc tgc tct caa agt aca cat gtt ccg tac acg ttc gga ggg ggg acc 720
Phe Cys Ser Gln Ser Thr His Val Pro Tyr Thr Phe Gly Gly Thr
225 230 235 240
aag ctg gaa ata aaa taatga 741
Lys Leu Glu Ile Lys
245

<210> 30

<211> 18

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> PCR primer

<400> 30

cagacagtgg ttcaaagt 18

<210> 31

<211> 72

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> PCR primer

<400> 31

cgcgtcgacc gatccgccac cacccgaacc accaccaccc gaaccaccac cacctttat 60
ttccagcttg gt 72

<210> 32

<211> 1605

<212> DNA

<213> Mus

<220>

<221> CDS

<222> (1)... (1599)

<223> pCHOM2 (Fv) 2. MABL2-sc (Fv) 2

<400> 32

atg gga tgg agc tgt atc atc ctc ttc ttg gta gca aca gct aca ggt 48

Met Gly Trp Ser Cys Ile Ile Leu Phe Leu Val Ala Thr Ala Thr Gly

1 5 10 15

gtc gac tcc cag gtc cag ctg cag cag tct gga cct gaa ctg gta aag 96

Val Asp Ser Gln Val Gln Leu Gln Gln Ser Gly Pro Glu Leu Val Lys

20 25 30

cct ggg gct tca gtg aag atg tcc tgc aag gct tct gga tac acc ttc 144

Pro Gly Ala Ser Val Lys Met Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe

35 40 45

gct aac cat gtt att cac tgg gtg aag cag aag cca ggg cag ggc ctt 192

Ala Asn His Val Ile His Trp Val Lys Gln Lys Pro Gly Gln Gly Leu

50 55 60

gag tgg att gga tat att tat cct tac aat gat ggt act aag tat aat 240

Glu Trp Ile Gly Tyr Ile Tyr Pro Tyr Asn Asp Gly Thr Lys Tyr Asn

65 70 75 80

gag aag ttc aag gac aag gcc act ctg act tca gac aaa tcc tcc acc 288

Glu Lys Phe Lys Asp Lys Ala Thr Leu Thr Ser Asp Lys Ser Ser Thr
85 90 95
aca gcc tac atg gac ctc agc agc ctg gcc tct gag gac tct gcg gtc 336
Thr Ala Tyr Met Asp Leu Ser Ser Leu Ala Ser Glu Asp Ser Ala Val
100 105 110
tat tac tgt gca aga ggg ggt tac tat act tac gac gac tgg ggc caa 384
Tyr Tyr Cys Ala Arg Gly Gly Tyr Tyr Thr Tyr Asp Asp Trp Gly Gln
115 120 125
ggc acc act ctc aca gtc tcc tca ggt ggt ggt ggt tcg ggt ggt ggt 432
Gly Thr Thr Leu Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly
130 135 140
ggt tcg ggt ggt ggc gga tcg gat gtt gtg atg acc caa agt cca ctc 480
Gly Ser Gly Gly Ser Asp Val Val Met Thr Gln Ser Pro Leu
145 150 155 160
tcc ctg cct gtc agt ctt gga gat caa gcc tcc atc tct tgc aga tca 528
Ser Leu Pro Val Ser Leu Gly Asp Gln Ala Ser Ile Ser Cys Arg Ser
165 170 175
agt cag agc ctt gtg cac agt aat gga aag acc tat tta cat tgg tac 576
Ser Gln Ser Leu Val His Ser Asn Gly Lys Thr Tyr Leu His Trp Tyr
180 185 190
ctg cag aag cca ggc cag tct cca aaa ctc ctg atc tac aaa gtt tcc 624
Leu Gln Lys Pro Gly Gln Ser Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Lys Val Ser
195 200 205
aac cga ttt tct ggg gtc cca gac agg ttc agt ggc agt gga tca gtg 672
Asn Arg Phe Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser Val
210 215 220
aca gat ttc aca ctc atg atc agc aga gtg gag gct gag gat ctg gga 720
Thr Asp Phe Thr Leu Met Ile Ser Arg Val Glu Ala Glu Asp Leu Gly

225	230	235	240
gtt tat ttc tgc tct caa agt aca cat gtt ccg tac acg ttc gga ggg			768
Val Tyr Phe Cys Ser Gln Ser Thr His Val Pro Tyr Thr Phe Gly Gly			
245	250	255	
ggg acc aag ctg gaa ata aaa ggt ggt ggt tcg ggt ggt ggt ggt			816
Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly			
260	265	270	
tcg ggt ggt ggc gga tcg gtc gac tcc cag gtc cag cag ctg cag cag tct			864
Ser Gly Gly Gly Ser Val Asp Ser Gln Val Gln Leu Gln Gln Ser			
275	280	285	
gga cct gaa ctg gta aag cct ggg gct tca gtg aag atg tcc tgc aag			912
Gly Pro Glu Leu Val Lys Pro Gly Ala Ser Val Lys Met Ser Cys Lys			
290	295	300	
gct tct gga tac acc ttc gct aac cat gtt att cac tgg gtg aag cag			960
Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Ala Asn His Val Ile His Trp Val Lys Gln			
305	310	315	320
aag cca ggg cag ggc ctt gag tgg att gga tat att tat cct tac aat			1008
Lys Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Ile Gly Tyr Ile Tyr Pro Tyr Asn			
325	330	335	
gat ggt act aag tat aat gag aag ttc aag gac aag gcc act ctg act			1056
Asp Gly Thr Lys Tyr Asn Glu Lys Phe Lys Asp Lys Ala Thr Leu Thr			
340	345	350	
tca gac aaa tcc tcc acc aca gcc tac atg gac ctc agc agc ctg gcc			1104
Ser Asp Lys Ser Ser Thr Thr Ala Tyr Met Asp Leu Ser Ser Leu Ala			
355	360	365	
tct gag gac tct gcg gtc tat tac tgt gca aga ggg ggt tac tat act			1152
Ser Glu Asp Ser Ala Val Tyr Tyr Cys Ala Arg Gly Gly Tyr Tyr Thr			
370	375	380	

tac gac gac tgg ggc caa ggc acc act ctc aca gtc tcc tca ggt ggt 1200
Tyr Asp Asp Trp Gly Gln Gly Thr Thr Leu Thr Val Ser Ser Gly Gly
385 390 395 400
ggt ggt tcg ggt ggt ggt tcg ggt ggt ggc gga tcg gat gtt gtg 1248
Gly Gly Ser Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Ser Asp Val Val
405 410 415
atg acc caa agt cca ctc tcc ctg cct gtc agt ctt gga gat caa gcc 1296
Met Thr Gln Ser Pro Leu Ser Leu Pro Val Ser Leu Gly Asp Gln Ala
420 425 430
tcc atc tct tgc aga tca agt cag agc ctt gtg cac agt aat gga aag 1344
Ser Ile Ser Cys Arg Ser Ser Gln Ser Leu Val His Ser Asn Gly Lys
435 440 445
acc tat tta cat tgg tac ctg cag aag cca ggc cag tct cca aaa ctc 1392
Thr Tyr Leu His Trp Tyr Leu Gln Lys Pro Gly Gln Ser Pro Lys Leu
450 455 460
ctg atc tac aaa gtt tcc aac cga ttt tct ggg gtc cca gac agg ttc 1440
Leu Ile Tyr Lys Val Ser Asn Arg Phe Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe
465 470 475 480
agt ggc agt gga tca gtg aca gat ttc aca ctc atg atc agc aga gtg 1488
Ser Gly Ser Gly Ser Val Thr Asp Phe Thr Leu Met Ile Ser Arg Val
485 490 495
gag gct gag gat ctg gga gtt tat ttc tgc tct caa agt aca cat gtt 1536
Glu Ala Glu Asp Leu Gly Val Tyr Phe Cys Ser Gln Ser Thr His Val
500 505 510
ccg tac acg ttc gga ggg ggg acc aag ctg gaa ata aaa gac tac aaa 1584
Pro Tyr Thr Phe Gly Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys Asp Tyr Lys
515 520 525
gac gat gac gat aaa taatga 1605

Asp Asp Asp Asp Lys

530

<210> 33

<211> 23

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> PCR primer

<400> 33

tgaggaattc ccaccatggg atg 33

<210> 34

<211> 40

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> PCR primer

<400> 34

cacgacgtca ctcgagactg tgagagtggt gccttggccc 40

<210> 35

<211> 40

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> PCR primer

<400> 35

agtctcgagt gacgtcgta tgacccaaag tccactctcc 40

<210> 36

<211> 31

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> PCR primer

<400> 36

gactggatcc tcattattta tcgtcatcgt c 31

<210> 37

<211> 22

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> PCR primer

<400> 37

cgcgttaatac gactcaactat ag 22

<210> 38

<211> 46

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> PCR primer

<400> 38

gcaattggac ctgttttatac tcgagcttgg tccccctcc gaacgt 46

<210> 39

<211> 45

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> PCR primer

<400> 39

gctcgagata aaacaggtcc aattgcagca gtctggacct gaact 45

<210> 40

<211> 60

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> PCR primer

<400> 40

gactggatcc tcattattta tcgtcatcgt cttttagtc tgaggagact gtgagagtgg 60

<210> 41

<211> 32

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> PCR primer

<400> 41

gactgaattc ccaccatgaa gttgcctgtt ag 32

<210> 42

<211> 40

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> PCR primer

<400> 42

cagtctcgag tggtggttcc gacgtcgtga tgacccaaag 40

<210> 43

<211> 43

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> PCR primer

<400> 43

cagtctcgag tggtggtgg tccgacgtcg tcatgaccca aag 43

<210> 44

<211> 46

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> PCR primer

<400> 44

cagtctcgag tggtggtggt ggttccgacg tcgtgatgac ccaaag 46

<210> 45

<211> 49

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> PCR primer

<400> 45

cagtctcgag tggtggtgggt ggtgggtccg acgtcgtgat gacccaaag 49

<210> 46

<211> 52

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> PCR primer

<400> 46

cagtctcgag tggtggtgggt ggtgggtggtt ccgacgtcgt gatgacccaa ag 52

<210> 47

<211> 20

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> PCR primer

<400> 47

ggccgcatgt tgtcacgaat 20

<210> 48

<211> 780

<212> DNA

<213> Mus

<220>

<221> CDS

<222> (1)... (768)

<223> CF2HL-0/pCOS1. MABL2-scFv<HL-0>

<400> 48

atg gga tgg agc tgt atc atc ctc ttc ttg gta gca aca gct aca ggt gtc 51

MET Gly Trp Ser Cys Ile Ile Leu Phe Leu Val Ala Thr Ala Thr Gly Val

5

10

15

gac tcc cag gtc cag ctg cag cag tct gga cct gaa ctg gta aag cct ggg 102

Asp Ser Gln Val Gln Leu Gln Gln Ser Gly Pro Glu Leu Val Lys Pro Gly

20

25

30

gct tca gtg aag atg tcc tgc aag gct tct gga tac acc ttc gct aac cat 153

Ala Ser Val Lys MET Ser Cys Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Ala Asn His

35

40

45

50

gtt att cac tgg gtg aag cag aag cca ggg cag ggc ctt gag tgg att gga 204

Val Ile His Trp Val Lys Gln Lys Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Ile Gly

55

60

65

tat att tat cct tac aat gat ggt act aag tat aat gag aag ttc aag gac 255

Tyr Ile Tyr Pro Tyr Asn Asp Gly Thr Lys Tyr Asn Glu Lys Phe Lys Asp

70

75

80

85

aag gcc act ctg act tca gac aaa tcc tcc acc aca gcc tac atg gac ctc 306

Lys Ala Thr Leu Thr Ser Asp Lys Ser Ser Thr Thr Ala Tyr MET Asp Leu

90

95

100

agc agc ctg gcc tct gag gac tct gcg gtc tat tac tgt gca aga ggg ggt 357

Ser Ser Leu Ala Ser Glu Asp Ser Ala Val Tyr Tyr Cys Ala Arg Gly Gly

105

110

115

tac tat act tac gac gac tgg ggc caa ggc acc act ctc aca gtc tcg agt 408
 Tyr Tyr Thr Tyr Asp Asp Trp Gly Gln Gly Thr Thr Leu Thr Val Ser Ser
 120 125 130 135
 gac gtc gtg atg acc caa agt cca ctc tcc ctg cct gtc agt ctt gga gat 459
 Asp Val Val MET Thr Gln Ser Pro Leu Ser Leu Pro Val Ser Leu Gly Asp
 140 145 150
 caa gcc tcc atc tct tgc aga tca agt cag agc ctt gtg cac agt aat gga 510
 Gln Ala Ser Ile Ser Cys Arg Ser Ser Gln Ser Leu Val His Ser Asn Gly
 155 160 165 170
 aag acc tat tta cat tgg tac ctg cag aag cca ggc cag tct cca aaa ctc 561
 Lys Thr Tyr Leu His Trp Tyr Leu Gln Lys Pro Gly Gln Ser Pro Lys Leu
 175 180 185
 ctg atc tac aaa gtt tcc aac cga ttt tct ggg gtc cca gac agg ttc agt 612
 Leu Ile Tyr Lys Val Ser Asn Arg Phe Ser Gly Val Pro Asp Arg Phe Ser
 190 195 200
 ggc agt gga tca gtg aca gat ttc aca ctc atg atc agc aga gtg gag gct 663
 Gly Ser Gly Ser Val Thr Asp Phe Thr Leu MET Ile Ser Arg Val Glu Ala
 205 210 215 220
 gag gat ctg gga gtt tat ttc tgc tct caa agt aca cat gtt ccg tac acg 714
 Glu Asp Leu Gly Val Tyr Phe Cys Ser Gln Ser Thr His Val Pro Tyr Thr
 225 230 235
 ttc gga ggg ggg acc aag ctg gaa ata aaa gac tac aaa gac gat gac gat 765
 Phe Gly Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys Asp Tyr Lys Asp Asp Asp Asp
 240 245 250 255
 aaa taa tga gga tcc 780
 Lys

<211> 45

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> PCR primer

<400> 49

caagctcgag ataaaatccg gaggccaggt ccaattgcag cagtc 45

<210> 50

<211> 48

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> PCR primer

<400> 50

caagctcgag ataaaatccg gaggtggcca ggtccaattt cagcagtc 48

<210> 51

<211> 51

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> PCR primer

<400> 51

caagctcgag ataaaatccg gaggtgggtgg ccaggtccaa ttgcagcagt c 51

<210> 52

<211> 54

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> PCR primer

<400> 52

caagctcgag ataaaatccg gaggtgggtgg tggccaggtc caattgcagc agtc 54

<210> 53

<211> 57

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> PCR primer

<400> 53

caagctcgag ataaaatccg gaggtgggtgg tggtggccag gtccaaattgc agcagtc 57

<210> 54

<211> 780

<212> DNA

<213> Mus

<220>

<221> CDS

<222> (1)...(768)

<223> CF2LH-0/pCOS1. MABL2-scFv<LH-0>

<400> 54

atg aag ttg cct gtt agg ctg ttg gtg ctg atg ttc tgg att cct ggt tcc 51

MET Lys Leu Pro Val Arg Leu Leu Val Leu MET Phe Trp Ile Pro Gly Ser

agc agt gat gtt gtg atg acc caa agt cca ctc tcc ctg cct gtc agt ctt 102
Ser Ser Asp Val Val MET Thr Gln Ser Pro Leu Ser Leu Pro Val Ser Leu
20 25 30

gga gat caa gcc tcc atc tct tgc aga tca agt cag agc ctt gtg cac agt 153
Gly Asp Gln Ala Ser Ile Ser Cys Arg Ser Ser Gln Ser Leu Val His Ser
35 40 45 50

aat gga aag acc tat tta cat tgg tac ctg cag aag cca ggc cag tct cca 204
Asn Gly Lys Thr Tyr Leu His Trp Tyr Leu Gln Lys Pro Gly Gln Ser Pro
55 60 65

aaa ctc ctg atc tac aaa gtt tcc aac cga ttt tct ggg gtc cca gac agg 255
Lys Leu Leu Ile Tyr Lys Val Ser Asn Arg Phe Ser Gly Val Pro Asp Arg
70 75 80 85

ttc agt ggc agt gga tca gtg aca gat ttc aca ctc atg atc agc aga gtg 306
Phe Ser Gly Ser Gly Ser Val Thr Asp Phe Thr Leu MET Ile Ser Arg Val
90 95 100

gag gct gag gat ctg gga gtt tat ttc tgc tct caa agt aca cat gtt ccg 357
Glu Ala Glu Asp Leu Gly Val Tyr Phe Cys Ser Gln Ser Thr His Val Pro
105 110 115

tac acg ttc gga ggg ggg acc aag ctc gag ata aaa cag gtc caa ttg cag 408
Tyr Thr Phe Gly Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys Gln Val Gln Leu Gln
120 125 130 135

cag tct gga cct gaa ctg gta aag cct ggg gct tca gtg aag atg tcc tgc 459
Gln Ser Gly Pro Glu Leu Val Lys Pro Gly Ala Ser Val Lys MET Ser Cys
140 145 150

aag gct tct gga tac acc ttc gct aac cat gtt att cac tgg gtg aag cag 510
Lys Ala Ser Gly Tyr Thr Phe Ala Asn His Val Ile His Trp Val Lys Gln
155 160 165 170

aag cca ggg cag ggc ctt gag tgg att gga tat att tat cct tac aat gat 561

Lys Pro Gly Gln Gly Leu Glu Trp Ile Gly Tyr Ile Tyr Pro Tyr Asn Asp
175 180 185
ggt act aag tat aat gag aag ttc aag gac aag gcc act ctg act tca gac 612
Gly Thr Lys Tyr Asn Glu Lys Phe Lys Asp Lys Ala Thr Leu Thr Ser Asp
190 195 200
aaa tcc tcc acc aca gcc tac atg gac ctc agc agc ctg gcc tct gag gac 663
Lys Ser Ser Thr Thr Ala Tyr MET Asp Leu Ser Ser Leu Ala Ser Glu Asp
205 210 215 220
tct gcg gtc tat tac tgt gca aga ggg ggt tac tat act tac gac gac tgg 714
Ser Ala Val Tyr Tyr Cys Ala Arg Gly Gly Tyr Tyr Thr Tyr Asp Asp Trp
225 230 235
ggc caa ggc acc act ctc aca gtc tcc tca gac tac aaa gac gat gac gat 765
Gly Gln Gly Thr Thr Leu Thr Val Ser Ser Asp Tyr Lys Asp Asp Asp Asp
240 245 250 255
aaa taa tga gga tcc 780
Lys

<210> 55

<211> 351

<212> DNA

<213> Human

<220>

<221> CDS

<222> (1)...(351)

<223> 12B5HV. 1-351 peptide

<400> 55

cag gtg cag ctg gtg cag tct ggg gga ggc ttg gtc cgg ccc ggg ggg 48
Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Gly Leu Val Arg Pro Gly Gly

1 5 10 15
tcc ctg agt ctc tcc tgt gca gtc tct gga atc acc ctc agg acc tac 96
Ser Leu Ser Leu Ser Cys Ala Val Ser Gly Ile Thr Leu Arg Thr Tyr
20 25 30
ggc atg cac tgg gtc cgc cag gct cca ggc aag ggg ctg gag tgg gtg 144
Gly Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Val
35 40 45
gca ggt ata tcc ttt gac gga aga agt gaa tac tat gca gac tcc gtg 192
Ala Gly Ile Ser Phe Asp Gly Arg Ser Glu Tyr Tyr Ala Asp Ser Val
50 55 60
cag ggc cga ttc acc atc tcc aga gac agt tcc aag aac acc ctg tat 240
Gln Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Ser Ser Lys Asn Thr Leu Tyr
65 70 75 80
ctg caa atg aac agc ctg aga gcc gag gac acg gct gtg tat tac tgt 288
Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys
85 90 95
gcg aga gga gca cat tat ggt ttc gat atc tgg ggc caa ggg aca atg 336
Ala Arg Gly Ala His Tyr Gly Phe Asp Ile Trp Gly Gln Gly Thr Met
100 105 110
gtc acc gtc tcg agt 351
Val Thr Val Ser Ser
115

<210> 56

<211> 57

<212> DNA

<213> Human

<220>

<221> CDS

<222> (1)... (57)

<223> reader sequence

<400> 56

atg gag ttt ggg ctg agc tgg gtt ttc ctc gtt gct ctt tta aga ggt 48

Met Glu Phe Gly Leu Ser Trp Val Phe Leu Val Ala Leu Leu Arg Gly

5

10

15

gtc cag tgt

57

Val Gln Cys

<210> 57

<211> 115

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> 12B5VH-1

<400> 57

atggagtttggctgagctgggtttcctcgttgctcttttaagagggtgtccagtgtcag 60

gtgcagctggtgcagtctggggaggcttggtccggcccggggggtccctgagtc 115

<210> 58

<211> 115

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> 12B5VH-2

<400> 58

aaggatatac ctgccaccca ctccagcccc ttgcctggag cctggcggac ccagtgcatt 60
ccgttaggtcc tgagggtgat tccagagact gcacaggaga gactcaggga ccccc 115

<210> 59

<211> 115

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> 12B5VH-3

<400> 59

ggcaggtata tcctttgacg gaagaagtga atactatgca gactccgtgc agggccgatt 60
caccatctcc agagacagtt ccaagaacac cctgtatctg caaatgaaca gcctg 115

<210> 60

<211> 108

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> 12B5VH-4

<400> 60

actcgagacg gtgaccattt tcccttggcc ccagatatcg aaaccataat gtgctcctct 60
cgcacagtaa tacacagccg tgtcctcgcc tctcaggctg ttcatttg 108

<210> 61

<211> 32

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> 12B5VH-S, PCR primer

<400> 61

ttcaagcttc caccatggag tttgggctga gc 32

<210> 62

<211> 34

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> 12B5VH-A, PCR primer

<400> 62

ttgggatcca ctcaccactc gagacgggtga ccat 34

<210> 63

<211> 588

<212> DNA

<213> Human

<220>

<221> CDS

<222> (236)...(558)

<223> 1-235;intron, 236-558;Human IgG constant region (partial)

<400> 63

gaattcgtga gtggatccca agcttagcttt ctggggcagg ccaggcctga ccttggcttt 60

ggggcaggga gggggctaag gtgaggcagg tggcgcagg caggtgcaca cccaatgccc 120

atgagccca agactggacg ctgaacctcg cggacagtta agaaccagg ggcctctgcg 180

ccctgggccc agctctgtcc cacaccggcgg tcacatggca caaccctcttgca gcc 237

Ala

tcc acc aag ggc cca tcg gtc ttc ccc ctg gca ccc tcc tcc aag agc 285
Ser Thr Lys Gly Pro Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser
5 10 15

acc tct ggg ggc aca gcg gcc ctg ggc tgc ctg gtc aag gac tac ttc 333
Thr Ser Gly Gly Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe
20 25 30

ccc gaa ccg gtg acg gtg tcg tgg aac tca ggc gcc ctg acc agc ggc 381
Pro Glu Pro Val Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly
35 40 45

gtg cac acc ttc ccg gct gtc cta cag tcc tca gga ctc tac tcc ctc 429
Val His Thr Phe Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu
50 55 60 65

agc agc gtg gtg acc gtg ccc tcc agc agc ttg ggc acc cag acc tac 477
Ser Ser Val Val Thr Val Pro Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr
70 75 80

atc tgc aac gtg aat cac aag ccc agc aac acc aag gtg gac aag aaa 525
Ile Cys Asn Val Asn His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys
85 90 95

gtt gag ccc aaa tct tgt gac aaa act cac aca 558
Val Glu Pro Lys Ser Cys Asp Lys Thr His Thr
100 105

<210> 64

<211> 27

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> G1CH1-S, PCR primer

<400> 64

tgagaattcg tgagtggatc ccaagct 27

<210> 65

<211> 60

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> G1CH1-A, PCR primer

<400> 65

aaaagatctt tatcatgtgt gagtttgtc acaagatttggctcaactttcttgtccac 60

<210> 66

<211> 432

<212> DNA

<213> Human

<220>

<221> CDS

<222> (12)...(419)

<223> HEF-12B5H-g gamma. 12-419 peptide

<400> 66

aagcttccac c atg gag ttt ggg ctg agc tgg gtt ttc ctc gtt gct ctt 50

Met Glu Phe Gly Leu Ser Trp Val Phe Leu Val Ala Leu

1 5 10

tta aga ggt gtc cag tgt cag gtg cag ctg gtg cag tct ggg gga ggc 98

Leu Arg Gly Val Gln Cys Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Gly

15 20 25

ttg gtc cgg ccc ggg ggg tcc ctg agt ctc tcc tgt gca gtc tct gga 146

Leu Val Arg Pro Gly Gly Ser Leu Ser Leu Ser Cys Ala Val Ser Gly
30 35 40 45
atc acc ctc agg acc tac ggc atg cac tgg gtc cgc cag gct cca ggc 194
Ile Thr Leu Arg Thr Tyr Gly Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly
50 55 60
aag ggg ctg gag tgg gtg gca ggt ata tcc ttt gac gga aga agt gaa 242
Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Gly Ile Ser Phe Asp Gly Arg Ser Glu
65 70 75
tac tat gca gac tcc gtg cag ggc cga ttc acc atc tcc aga gac agt 290
Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Gln Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Ser
80 85 90
tcc aag aac acc ctg tat ctg caa atg aac agc ctg aga gcc gag gac 338
Ser Lys Asn Thr Leu Tyr Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp
95 100 105
acg gct gtg tat tac tgt gcg aga gga gca cat tat ggt ttc gat atc 386
Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Ala Arg Gly Ala His Tyr Gly Phe Asp Ile
110 115 120 125
tgg ggc caa ggg aca atg gtc acc gtc tcg agt ggtgagtggaa tcc 432
Trp Gly Gln Gly Thr Met Val Thr Val Ser Ser
130 135

<210> 67

<211> 321

<212> DNA

<213> Human

<220>

<221> CDS

<222> (1)...(321)

<223> 12B5LV. 1-321 peptide

<400> 67

gac atc cag atg acc cag tct cct tcc acc ctg tct gca tct att gga 48

Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser Pro Ser Thr Leu Ser Ala Ser Ile Gly

1 5 10 15

gac aga gtc acc atc acc tgc cgg gcc agc gag ggt att tat cac tgg 96

Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys Arg Ala Ser Glu Gly Ile Tyr His Trp

20 25 30

ttg gcc tgg tat cag cag aag cca ggg aaa gcc cct aaa ctc ctg atc 144

Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile

35 40 45

tat aag gcc tct agt tta gcc agt ggg gcc cca tca agg ttc agc ggc 192

Tyr Lys Ala Ser Ser Leu Ala Ser Gly Ala Pro Ser Arg Phe Ser Gly

50 55 60

agt gga tct ggg aca gat ttc act ctc acc atc agc agc ctg cag cct 240

Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro

65 70 75 80

gat gat tit gca act tat tac tgc caa caa tat agt aat tat ccg ctc 288

Asp Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr Cys Gln Gln Tyr Ser Asn Tyr Pro Leu

85 90 95

act ttc ggc gga ggg acc aag ctg gag atc aaa 321

Thr Phe Gly Gly Thr Lys Leu Glu Ile Lys

100 105

<210> 68

<211> 66

<212> DNA

<213> Human

<220>

<221> CDS

<222> (1)...(66)

<223> reader sequence

<400> 68

atg gac atg agg gtc ccc gct cag ctc ctg ggg ctc ctg ctg ctc tgg 48

MET Asp MET Arg Val Pro Ala Gln Leu Leu Gly Leu Leu Leu Trp

5

10

15

ctc cca ggt gcc aaa tgt

66

Leu Pro Gly Ala Lys Cys

20

<210> 69

<211> 110

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> 12B5VL-1

<400> 69

atggacatga gggccccgc tcagctcctg gggctcctgc tgctctggct cccaggtgcc 60

aaatgtgaca tccagatgac ccagtctcct tccaccctgt ctgcatctat 110

<210> 70

<211> 110

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> 12B5VL-2

<400> 70

ggagtttagg ggcttccct ggcttctgct gataccaggc caaccagtga taaataccct 60
cgctggcccg gcaggtgatg gtgactctgt ctccaataga tgcagacagg 110

<210> 71

<211> 110

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> 12B5VL-3

<400> 71

aagcccctaa actcctgatc tataaggcct ctagtttagc cagtggggcc ccatcaaggt 60
tcagcggcag tggatctggg acagatttca ctctcaccat cagcagcctg 110

<210> 72

<211> 103

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> 12B5VL-4

<400> 72

tttgatctcc agcttggtcc ctccggcga agtgagcgga taattactat attgttggca 60
gtaataagtt gcaaaatcat caggctgcag gctgctgatg gtg 103

<210> 73

<211> 32

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> 12B5VL-S, PCR primer

<400> 73

ttcaagcttc caccatggac atgagggtcc cc 32

<210> 74

<211> 35

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> 12B5VL-A, PCR primer

<400> 74

tctaggatcc actcacgtt gatctccagc ttgg 35

<210> 75

<211> 415

<212> DNA

<213> Human

<220>

<221> CDS

<222> (12)...(398)

<223> HEF-12B5H-g kappa. 12-398 peptide

<400> 75

aagcttccac c atg gac atg agg gtc ccc gct cag ctc ctg ggg ctc ctg 50

Met Asp Met Arg Val Pro Ala Gln Leu Leu Gly Leu Leu

1

5

10

ctg ctc tgg ctc cca ggt gcc aaa tgt gac atc cag atg acc cag tct 98

Leu Leu Trp Leu Pro Gly Ala Lys Cys Asp Ile Gln Met Thr Gln Ser

15 20 25
cct tcc acc ctg tct gca tct att gga gac aga gtc acc atc acc tgc 146
Pro Ser Thr Leu Ser Ala Ser Ile Gly Asp Arg Val Thr Ile Thr Cys
30 35 40 45
cgg gcc agc gag ggt att tat cac tgg ttg gcc tgg tat cag cag aag 194
Arg Ala Ser Glu Gly Ile Tyr His Trp Leu Ala Trp Tyr Gln Gln Lys
50 55 60
cca ggg aaa gcc cct aaa ctc ctg atc tat aag gcc tct agt tta gcc 242
Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Lys Ala Ser Ser Leu Ala
65 70 75
agt ggg gcc cca tca agg ttc agc ggc agt gga tct ggg aca gat ttc 290
Ser Gly Ala Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp Phe
80 85 90
act ctc acc atc agc agc ctg cag cct gat gat ttt gca act tat tac 338
Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro Asp Asp Phe Ala Thr Tyr Tyr
95 100 105
tgc caa caa tat aat tat ccc ctc act ttc ggc gga ggg acc aag 386
Cys Gln Gln Tyr Ser Asn Tyr Pro Leu Thr Phe Gly Gly Thr Lys
110 115 120 125
ctg gag atc aaa cgtgagtgg a tcctaga 415
Leu Glu Ile Lys

<210> 76

<211> 24

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> FLAG tag sequence

<400> 76

gac tac aag gat gac gac gat aag 24

Asp Tyr Lys Asp Asp Asp Asp Lys

5

<210> 77

<211> 31

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> 12B5-S, PCR primer

<400> 77

atagaattcc accatggagt ttgggctgag c 31

<210> 78

<211> 24

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> HuVHJ3, PCR primer

<400> 78

tgaagagacg gtgaccattg tccc 24

<210> 79

<211> 28

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> RhuJH3, PCR primer

<400> 79

ggacaatggt caccgtctct tcaggtgg 28

<210> 80

<211> 32

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> RhuVK1, PCR primer

<400> 80

ggagactggg tcatctggat gtccgatccg cc 32

<210> 81

<211> 23

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> HuVK1.2, PCR primer

<400> 81

gacatccaga tgacccagtc tcc 23

<210> 82

<211> 59

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> 12B5F-A, PCR primer

<400> 82

atigcggccg cttatcactt atcgtcgta tcctttagt ctttgatctc cagcttgg 59

<210> 83

<211> 45

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Linker amino acid sequence and nucleotide sequence

<400> 83

ggt ggt ggt ggt tcg ggt ggt ggt tcg ggt ggt ggc gga tcg 45

Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly Ser

5

10

15

<210> 84

<211> 823

<212> DNA

<213> Human

<220>

<221> CDS

<222> (12)...(809)

<223> sc12B5, Single chain Fv

<400> 84

aagcttccac c atg gag ttt ggg ctg agc tgg gtt ttc ctc gtt gct ctt 50

Met Glu Phe Gly Leu Ser Trp Val Phe Leu Val Ala Leu

1

5

10

tta aga ggt gtc cag tgt cag gtg cag ctg gtg cag tct ggg gga ggc 98

Leu Arg Gly Val Gln Cys Gln Val Gln Leu Val Gln Ser Gly Gly Gly

15 20 25
ttg gtc cgg ccc ggg ggg tcc ctg agt ctc tcc tgt gca gtc tct gga 146
Leu Val Arg Pro Gly Gly Ser Leu Ser Leu Ser Cys Ala Val Ser Gly
30 35 40 45
atc acc ctc agg acc tac ggc atg cac tgg gtc cgc cag gct cca ggc 194
Ile Thr Leu Arg Thr Tyr Gly Met His Trp Val Arg Gln Ala Pro Gly
50 55 60
aag ggg ctg gag tgg gtg gca ggt ata tcc ttt gac gga aga agt gaa 242
Lys Gly Leu Glu Trp Val Ala Gly Ile Ser Phe Asp Gly Arg Ser Glu
65 70 75
tac tat gca gac tcc gtg cag ggc cga ttc acc atc tcc aga gac agt 290
Tyr Tyr Ala Asp Ser Val Gln Gly Arg Phe Thr Ile Ser Arg Asp Ser
80 85 90
tcc aag aac acc ctg tat ctg caa atg aac agc ctg aga gcc gag gac 338
Ser Lys Asn Thr Leu Tyr Leu Gln Met Asn Ser Leu Arg Ala Glu Asp
95 100 105
acg gct gtg tat tac tgt gcg aga gga gca cat tat ggt ttc gat atc 386
Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Ala Arg Gly Ala His Tyr Gly Phe Asp Ile
110 115 120 125
tgg ggc caa ggg aca atg gtc acc gtc tcg agt ggt ggt ggt tcg 434
Trp Gly Gln Gly Thr Met Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Ser
130 135 140
ggt ggt ggt ggt tcg ggt ggc gga tcg gac atc cag atg acc cag 482
Gly Gly Gly Ser Gly Gly Ser Asp Ile Gln Met Thr Gln
145 150 155
tct cct tcc acc ctg tct gca tct att gga gac aga gtc acc atc acc 530
Ser Pro Ser Thr Leu Ser Ala Ser Ile Gly Asp Arg Val Thr Ile Thr
160 165 170

tgc cgg gcc agc gag ggt att tat cac tgg ttg gcc tgg tat cag cag 578
Cys Arg Ala Ser Glu Gly Ile Tyr His Trp Leu Ala Trp Tyr Gln Gln
175 180 185
aag cca ggg aaa gcc cct aaa ctc ctg atc tat aag gcc tct agt tta 626
Lys Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu Leu Ile Tyr Lys Ala Ser Ser Leu
190 195 200 205
gcc agt ggg gcc cca tca agg ttc agc ggc agt gga tct ggg aca gat 674
Ala Ser Gly Ala Pro Ser Arg Phe Ser Gly Ser Gly Ser Gly Thr Asp
210 215 220
ttc act ctc acc atc agc agc ctg cag cct gat gat ttt gca act tat 722
Phe Thr Leu Thr Ile Ser Ser Leu Gln Pro Asp Asp Phe Ala Thr Tyr
225 230 235
TAC TGC CAA CAA TAT AGT AAT TAT CCG CTC ACT TTC GGC GGA GGG ACC 770
Tyr Cys Gln Gln Tyr Ser Asn Tyr Pro Leu Thr Phe Gly Gly Gly Thr
240 245 250
aag ctg gag atc aaa gac tac aag gat gac gac gat aag tgataagcgg c 820
Lys Leu Glu Ile Lys Asp Tyr Lys Asp Asp Asp Lys
255 260 265
cgc 823

<210> 85

<211> 114

<212> PRT

<213> Human

<400> 85

Gln Val Gln Leu Gln Gln Ser Gly Pro Gly Leu Val Lys Pro Ser Glu

1

5

10

15

Thr Leu Ser Leu Thr Cys Thr Val Ser Gly Asp Ser Ile Ser Ser Tyr
20 25 30
Tyr Trp Ser Trp Ile Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Ile
35 40 45
Gly Tyr Ile Tyr Tyr Ser Gly Ser Thr Asn Tyr Asn Pro Ser Leu Lys
50 55 60
Ser Arg Val Thr Ile Ser Val Asp Thr Ser Lys Ser Gln Phe Ser Leu
65 70 75 80
Lys Leu Ser Ser Val Thr Ala Ala Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Ala
85 90 95
Arg Gly Arg Tyr Phe Asp Val Trp Gly Arg Gly Thr Met Val Thr Val
100 105 110
Ser Ser

<210> 86

<211> 342

<212> DNA

<213> Human

<400> 86

caggtgcagc tgcagcagtc gggcccgagga ctggtaagc cttcggagac cctgtccctc 60
acctgcactg tctctggtga ctccatcagt agttactact ggagctggat tcggcagccc 120
ccagggagg gactggagtg gattgggtat atctattaca gtgggagcac caactacaac 180
ccctccctca agagtcgagt caccatatca gtagacacgt ccaagagcca gttctccctg 240
aagctgagct ctgtgaccgc cgccagacacg gccgtgtatt actgtgcgag agggcggtac 300
ttcgatgtct gggccgtgg caccatggtc actgtctcct ca 342

<210> 87

<211> 57

<212> DNA

<213> Human

<220>

<221> CDS

<222> (1)...(57)

<223> reader sequence

<308> GenBank No. AF062252

<400> 87

atg aaa cat ctg tgg ttc ttc ctt ctc ctg gtg gca gct ccc aga tgg 48

Met Lys His Leu Trp Phe Phe Leu Leu Leu Val Ala Ala Pro Arg Trp

1 5 10 15

gtc ctg tcc 57

Val Leu Ser

<210> 88

<211> 110

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> 12E10VH1

<400> 88

atgaaacatc tgtggttctt ctttcctg gtggcagctc ccagatgggt cctgtccag 60

gtgcagctgc agcagtcggg cccaggactg gtgaagcctt cggagaccct 110

<210> 89

<211> 110

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> 12E10VH2

<400> 89

acccaatcca ctccagtc cc ttccctgggg gctgccgaat ccagctccag tagtaactac 60
tgatggagtc accagagaca gtgcaggtga gggacagggt ctccgaaggc 110

<210> 90

<211> 110

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> 12E10VH3

<400> 90

tggagtggat tgggtatatac tattacagtg ggagcaccaa ctacaacccc tccctcaaga 60
gtcgagtcac catatcagta gacacgtcca agagccagtt ctccctgaag 110

<210> 91

<211> 114

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> 12E10VH4

<400> 91

tgaggagaca gtgaccatgg tgccacggcc ccagacatcg aagtaccgcc ctctcgacaca 60
gtaatacacg gccgtgtctg cggcggtcac agagctcagc ttcagggaga actg 114

<210> 92

<211> 32

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> 12E10VHS, PCR primer

<400> 92

ttcaagcttc caccatgaaa catctgtggc tc 32

<210> 93

<211> 34

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> 12E10VHA, PCR primer

<400> 93

ttgggatcca ctcacctgag gagacagtga ccat 34

<210> 94

<211> 426

<212> DNA

<213> Mus

<220>

<221> CDS

<222> (12)...(417)

<223> 12E10H, H chain V region

<400> 94

aagcttccac c atg aaa cat ctg tgg ttc ttc ctt ctc ctg gtg gca gct 50

Met Lys His Leu Trp Phe Phe Leu Leu Leu Val Ala Ala

1	5	10	
ccc aga tgg gtc ctg tcc cag gtg cag ctg cag cag tcg ggc cca gga			98
Pro Arg Trp Val Leu Ser Gln Val Gln Leu Gln Ser Gly Pro Gly			
15	20	25	
ctg gtg aag cct tcg gag acc ctg tcc ctc acc tgc act gtc tct ggt			146
Leu Val Lys Pro Ser Glu Thr Leu Ser Leu Thr Cys Thr Val Ser Gly			
30	35	40	45
gac tcc atc agt agt tac tac tgg agc tgg att cgg cag ccc cca ggg			194
Asp Ser Ile Ser Ser Tyr Tyr Trp Ser Trp Ile Arg Gln Pro Pro Gly			
50	55	60	
aag gga ctg gag tgg att ggg tat atc tat tac agt ggg agc acc aac			242
Lys Gly Leu Glu Trp Ile Gly Tyr Ile Tyr Tyr Ser Gly Ser Thr Asn			
65	70	75	
tac aac ccc tcc ctc aag agt cga gtc acc ata tca gta gac acg tcc			290
Tyr Asn Pro Ser Leu Lys Ser Arg Val Thr Ile Ser Val Asp Thr Ser			
80	85	90	
aag agc cag ttc tcc ctg aag ctg agc tct gtg acc gcc gca gac acg			338
Lys Ser Gln Phe Ser Leu Lys Leu Ser Ser Val Thr Ala Ala Asp Thr			
95	100	105	
gcc gtg tat tac tgt gcg aga ggg cgg tac ttc gat gtc tgg ggc cgt			386
Ala Val Tyr Tyr Cys Ala Arg Gly Arg Tyr Phe Asp Val Trp Gly Arg			
110	115	120	125
ggc acc atg gtc act gtc tcc tca ggtgagtggaa tcccaa			426
Gly Thr Met Val Thr Val Ser Ser			
130			

<210> 95

<211> 110

<212> PRT

<213> Mus

<400> 95

Ser Tyr Val Leu Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Gly Ser Pro Gly Gln

1 5 10 15

Ser Ile Thr Ile Ser Cys Thr Gly Thr Ser Ser Asp Val Gly Gly Tyr

20 25 30

Asn Tyr Val Ser Trp Tyr Gln Gln His Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu

35 40 45

Met Ile Tyr Glu Gly Ser Lys Arg Pro Ser Gly Val Ser Asn Arg Phe

50 55 60

Ser Gly Ser Lys Ser Gly Asn Thr Ala Ser Leu Thr Ile Ser Gly Leu

65 70 75 80

Gln Ala Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Ser Ser Tyr Thr Thr Arg

85 90 95

Ser Thr Arg Val Phe Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu

100 105 110

<210> 96

<211> 330

<212> DNA

<213> Mus

<400> 96

tcctatgtgc tgactcagcc accctcggtg tcagggtctc ctggacagtc gatcaccatc 60

tcctgcactg gaaccagcag tgacgttgtt ggttataact atgtctcctg gtaccaacag 120

cacccaggca aagcccccaa actcatgatt tatgagggca gtaaacggcc ctcaggggtt 180

tctaatcgct totctggctc caagtctggc aacacggcct ccctgaccat ctctgggctc 240
caggctgagg acgaggctga ttattactgc agctcatata caaccagaag cactcgggtg 300
ttcggcggag ggaccaagct gaccgtccta 330

<210> 97

<211> 57

<212> DNA

<213> Human

<220>

<221> CDS

<222> (1)...(57)

<223> reader sequence

<310>

<400> 97

atg gcc tgg acc gtt ctc ctc ctc ggc ctc ctc tct cac tgc aca ggc 48

Met Ala Trp Thr Val Leu Leu Leu Gly Leu Leu Ser His Cys Thr Gly

1 5 10 15

tct gtg acc 57

Ser Val Thr

<210> 98

<211> 110

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> 12E10VL1, PCR primer

<400> 98

atggcctgga ccgttctcct cctcgccctc ctctctcaact gcacaggctc tgtgacctcc 60

tatgtgctga ctcagccacc ctcgggtgtca gggctcctg gacagtcgat 110

<210> 99

<211> 62

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> 12E10VL2, PCR primer

<400> 99

tcatgagttt gggggctttg cctgggtgtc gtgggtacca ggagacatag ttataaccac 60

caacgtcact gctggttcca gtgcaggaga tggtgatcga ctgtccagga 110

<210> 100

<211> 110

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> 12E10VL3, PCR primer

<400> 100

cccccaaact catgatttat gagggcagta aacggccctc aggggtttct aatcgcttct 60

ctggctccaa gtctggcaac acggcctccc tgaccatctc tgggctccag 110

<210> 101

<211> 102

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> 12E10VL4, PCR primer

<400> 101

taggacggtc agcttggtcc ctccgccgaa cacccgagtg cttctgggttgcataatgagct 60
gcagtaataa tcagcctcgat cctcagcctg gagcccagag at 102

<210> 102

<211> 31

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> 12E10VLS, PCR primer

<400> 102

atcaagcttc caccatggcc tggaccgttc t 31

<210> 103

<211> 36

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> 12E10VLA, PCR primer

<400> 103

ctaggatccgggctgaccta ggacggtcag cttgggt 36

<210> 104

<211> 387

<212> DNA

<213> Mus

<220>

<221> CDS

<222> (1)... (387)

<223> 12E10L, L chain V region

<310>

<400> 104

atg gcc tgg acc gtt ctc ctc ctc ggc ctc ctc tct cac tgc aca ggc 48

Met Ala Trp Thr Val Leu Leu Leu Gly Leu Leu Ser His Cys Thr Gly

1 5 10 15

tct gtg acc tcc tat gtg ctg act cag cca ccc tcg gtg tca ggg tct 96

Ser Val Thr Ser Tyr Val Leu Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Gly Ser

20 25 30

cct gga cag tcg atc acc atc tcc tgc act gga acc agc agt gac gtt 144

Pro Gly Gln Ser Ile Thr Ile Ser Cys Thr Gly Thr Ser Ser Asp Val

35 40 45

ggg ggt tat aac tat gtc tcc tgg tac caa cag cac cca ggc aaa gcc 192

Gly Gly Tyr Asn Tyr Val Ser Trp Tyr Gln Gln His Pro Gly Lys Ala

50 55 60

ccc aaa ctc atg att tat gag ggc agt aaa cgg ccc tca ggg gtt tct 240

Pro Lys Leu Met Ile Tyr Glu Gly Ser Lys Arg Pro Ser Gly Val Ser

65 70 75 80

aat cgc ttc tct ggc tcc aag tct ggc aac acg gcc tcc ctg acc atc 288

Asn Arg Phe Ser Gly Ser Lys Ser Gly Asn Thr Ala Ser Leu Thr Ile

85 90 95

tct ggg ctc cag gct gag gac gag gct gat tat tac tgc agc tca tat 336

Ser Gly Leu Gln Ala Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Ser Ser Tyr

100 105 110

Aca acc aga agc act cgg gtg ttc ggc gga ggg acc aag ctg acc gtc 384

Thr Thr Arg Ser Thr Arg Val Phe Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val

115 120 125

cta 387

Leu

<210> 105

<211> 24

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<221> CDS

<222> (1)...(24)

<223> FLAG, reader sequence

<400> 105

gac tac aag gat gac gac gat aag 24

Asp Tyr Lys Asp Asp Asp Asp Lys

<210> 106

<211> 30

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> 12E10S, PCR primer

<400> 106

tatgaattcc accatgaaac atctgtggtt 30

<210> 107

<211> 38

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> DB2, PCR primer

<400> 107

taggagctac cgcctccacc tgaggagaca gtgaccat 38

<210> 108

<211> 44

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> DB1, PCR primer

<400> 108

gtctcctcag gtggaggcgg tagctcctat gtgctgactc agcc 44

<210> 109

<211> 59

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> 12E10FA, PCR primer

<400> 109

attgcggccg cttatcactt atcgtcgtca tcctttagt ctaggacggt cagcttgg 59

<210> 110

<211> 792

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<221> CDS

<222> (11)... (778)

<223> 12E10, Single chain Fv

<400> 110

gaattccacc atg aaa cat ctg tgg ttc ttc ctt ctc ctg gtg gca gct 49

Met Lys His Leu Trp Phe Phe Leu Leu Leu Val Ala Ala

1 5 10

ccc aga tgg gtc ctg tcc cag gtg cag cag cag tcg ggc cca gga 97

Pro Arg Trp Val Leu Ser Gln Val Gln Leu Gln Gln Ser Gly Pro Gly

15 20 25

ctg gtg aag cct tcg gag acc ctg tcc acc tgc act gtc tct ggt 145

Leu Val Lys Pro Ser Glu Thr Leu Ser Leu Thr Cys Thr Val Ser Gly

30 35 40 45

gac tcc atc agt agt tac tac tgg agc tgg att cgg cag ccc cca ggg 193

Asp Ser Ile Ser Ser Tyr Tyr Trp Ser Trp Ile Arg Gln Pro Pro Gly

50 55 60

aag gga ctg gag tgg att ggg tat atc tat tac agt ggg agc acc aac 241

Lys Gly Leu Glu Trp Ile Gly Tyr Ile Tyr Tyr Ser Gly Ser Thr Asn

65 70 75

tac aac ccc tcc ctc aag agt cga gtc acc ata tca gta gac acg tcc 289

Tyr Asn Pro Ser Leu Lys Ser Arg Val Thr Ile Ser Val Asp Thr Ser

80 85 90

aag agc cag ttc tcc ctg aag ctg agc tct gtg acc gcc gca gac acg 337

Lys Ser Gln Phe Ser Leu Lys Leu Ser Ser Val Thr Ala Ala Asp Thr

95 100 105

gcc gtg tat tac tgt gcg aga ggg cgg tac ttc gat gtc tgg ggc cgt 385

Ala Val Tyr Tyr Cys Ala Arg Gly Arg Tyr Phe Asp Val Trp Gly Arg

110 115 120 125

ggc acc atg gtc act gtc tcc tca ggt gga ggc ggt agc tcc tat gtg 433
Gly Thr Met Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Ser Ser Tyr Val
130 135 140

ctg act cag cca ccc tcg gtg tca ggg tct cct gga cag tcg atc acc 481
Leu Thr Gln Pro Pro Ser Val Ser Gly Ser Pro Gly Gln Ser Ile Thr
145 150 155

atc tcc tgc act gga acc agc agt gac gtt ggt tat aac tat gtc 529
Ile Ser Cys Thr Gly Thr Ser Ser Asp Val Gly Gly Tyr Asn Tyr Val
160 165 170

tcc tgg tac caa cag cac cca ggc aaa gcc ccc aaa ctc atg att tat 577
Ser Trp Tyr Gln Gln His Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu Met Ile Tyr
175 180 185

gag ggc agt aaa cgg ccc tca ggg gtt tct aat cgc ttc tct ggc tcc 625
Glu Gly Ser Lys Arg Pro Ser Gly Val Ser Asn Arg Phe Ser Gly Ser
190 195 200 205

aag tct ggc aac acg gcc tcc ctg acc atc tct ggg ctc cag gct gag 673
Lys Ser Gly Asn Thr Ala Ser Leu Thr Ile Ser Gly Leu Gln Ala Glu
210 215 220

gac gag gct gat tat tac tgc agc tca tat aca acc aga agc act cgg 721
Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr Cys Ser Ser Tyr Thr Thr Arg Ser Thr Arg
225 230 235

gtg ttc ggc gga ggg acc aag ctg acc gtc cta gac tac aag gat gac 769
Val Phe Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu Asp Tyr Lys Asp Asp
240 245 250

gac gat aag tgataagcgg ccgc 792
Asp Asp Lys
255

<210> 111

<211> 62

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> sc4.3, PCR primer

<400> 111

ggtggctgag tcagcacata ggacgatccg ccaccacccg aaccaccacc acccgaacca 60

cc 62

<210> 112

<211> 61

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> scl.3, PCR primer

<400> 112

gcaccatggc cactgtctcc tcaggtggtg gtggttcggg tgggtgggt tcgggtggtg 60

g 61

<210> 113

<211> 822

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<221> CDS

<222> (11)...(807)

<223> scl2E10, Single chain Fv

<400> 113

gaattccacc atg aaa cat ctg tgg ttc ttc ctt ctc ctg gtg gca gct 49

Met Lys His Leu Trp Phe Phe Leu Leu Leu Val Ala Ala

1 5 10

ccc aga tgg gtc ctg tcc cag gtg cag cag tcg ggc cca gga 97

Pro Arg Trp Val Leu Ser Gln Val Gln Leu Gln Gln Ser Gly Pro Gly

15 20 25

ctg gtg aag cct tcg gag acc ctg tcc acc tgc act gtc tct ggt 145

Leu Val Lys Pro Ser Glu Thr Leu Ser Leu Thr Cys Thr Val Ser Gly

30 35 40 45

gac tcc atc agt agt tac tac tgg agc tgg att cgg cag ccc cca ggg 193

Asp Ser Ile Ser Ser Tyr Tyr Trp Ser Trp Ile Arg Gln Pro Pro Gly

50 55 60

aag gga ctg gag tgg att ggg tat atc tat tac agt ggg agc acc aac 241

Lys Gly Leu Glu Trp Ile Gly Tyr Ile Tyr Tyr Ser Gly Ser Thr Asn

65 70 75

tac aac ccc tcc ctc aag agt cga gtc acc ata tca gta gac acg tcc 289

Tyr Asn Pro Ser Leu Lys Ser Arg Val Thr Ile Ser Val Asp Thr Ser

80 85 90

aag agc cag ttc tcc ctg aag ctg agc tct gtg acc gcc gca gac acg 337

Lys Ser Gln Phe Ser Leu Lys Leu Ser Ser Val Thr Ala Ala Asp Thr

95 100 105

gcc gtg tat tac tgt gcg aga ggg cgg tac ttc gat gtc tgg ggc cgt 385

Ala Val Tyr Tyr Cys Ala Arg Gly Arg Tyr Phe Asp Val Trp Gly Arg

110 115 120 125

ggc acc atg gtc act gtc tcc tca ggt ggt ggt tcg ggt ggt ggt 433

Gly Thr Met Val Thr Val Ser Ser Gly Gly Gly Ser Gly Gly Gly

130 135 140

ggt tcg ggt ggt ggc gga tcg tcc tat gtg ctg act cag cca ccc tcg 481
Gly Ser Gly Gly Gly Ser Ser Tyr Val Leu Thr Gln Pro Pro Ser
145 150 155
gtg tca ggg tct cct gga cag tcg atc acc atc tcc tgc act gga acc 529
Val Ser Gly Ser Pro Gly Gln Ser Ile Thr Ile Ser Cys Thr Gly Thr
160 165 170
agc agt gac gtt ggt ggt tat aac tat gtc tcc tgg tac caa cag cac 577
Ser Ser Asp Val Gly Gly Tyr Asn Tyr Val Ser Trp Tyr Gln Gln His
175 180 185
cca ggc aaa gcc ccc aaa ctc atg att tat gag ggc agt aaa cgg ccc 625
Pro Gly Lys Ala Pro Lys Leu Met Ile Tyr Glu Gly Ser Lys Arg Pro
190 195 200 205
tca ggg gtt tct aat cgc ttc tct ggc tcc aag tct ggc aac acg gcc 673
Ser Gly Val Ser Asn Arg Phe Ser Gly Ser Lys Ser Gly Asn Thr Ala
210 215 220
tcc ctg acc atc tct ggg ctc cag gct gag gac gag gct gat tat tac 721
Ser Leu Thr Ile Ser Gly Leu Gln Ala Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Tyr
225 230 235
tgc agc tca tat aca acc aga agc act cgg gtg ttc ggc gga ggg acc 769
Cys Ser Ser Tyr Thr Arg Ser Thr Arg Val Phe Gly Gly Thr
240 245 250
aag ctg acc gtc cta gac tac aag gat gac gac gat aag tgataagcgg 818
Lys Leu Thr Val Leu Asp Tyr Lys Asp Asp Asp Lys
255 260 265
ccgc 822

INTERNATIONAL SEARCH REPORT

International application No.

PCT/JP01/09259

A. CLASSIFICATION OF SUBJECT MATTER

Int.Cl⁷ C12N15/09, 15/62, C07K16/28, A61K39/395

According to International Patent Classification (IPC) or to both national classification and IPC

B. FIELDS SEARCHED

Minimum documentation searched (classification system followed by classification symbols)

Int.Cl⁷ C12N15/09, 15/62, C07K16/28, A61K39/395

Documentation searched other than minimum documentation to the extent that such documents are included in the fields searched

Electronic data base consulted during the international search (name of data base and, where practicable, search terms used)
JICST FILE (JOIS), MEDLINE (STN), WPI (DIALOG), BIOSIS (DIALOG)

C. DOCUMENTS CONSIDERED TO BE RELEVANT

Category*	Citation of document, with indication, where appropriate, of the relevant passages	Relevant to claim No.
Y	Bijia DENG et al., "An Agonist Murine Monoclonal Antibody to the Human c-Mpl Receptor Stimulates Megakaryocytopoiesis", Blood, 15 September, 1998, Vol. 92, No. 6, pages 1981 to 1988	1-40
Y	US 5885574 A (Amgen Inc.), 23 March, 1999 (23.03.99), & JP 2000-95800 A & EP 773962 B1 & WO 96/03438 A	1-40
Y	KIPRIYANOV et al., "Bispecific CD3xCD19 Diabody for T Cell-Mediated Lysis of Malignant Human B Cells", Int. J. Cancer, (1998), Vol. 77, No. 5, pages 763 to 772	1-40
Y	WO 00/53634 A (Chugai Pharmaceutical Co., Ltd.), 14 September, 2000 (14.09.00), & EP 1167388 A	1-40
A	Ming-Hong XIE et al., "Direct demonstration of MuSK involvement in acetylcholine receptor clustering through identification of agonist ScFv", Nature Biotechnology, August, 1997, Vol. 15, No. 8, pages 768 to 771	1-40

 Further documents are listed in the continuation of Box C. See patent family annex.

* Special categories of cited documents:	
"A" document defining the general state of the art which is not considered to be of particular relevance	"T" later document published after the international filing date or priority date and not in conflict with the application but cited to understand the principle or theory underlying the invention
"E" earlier document but published on or after the international filing date	"X" document of particular relevance; the claimed invention cannot be considered novel or cannot be considered to involve an inventive step when the document is taken alone
"L" document which may throw doubts on priority claim(s) or which is cited to establish the publication date of another citation or other special reason (as specified)	"Y" document of particular relevance; the claimed invention cannot be considered to involve an inventive step when the document is combined with one or more other such documents, such combination being obvious to a person skilled in the art
"O" document referring to an oral disclosure, use, exhibition or other means	"&" document member of the same patent family
"P" document published prior to the international filing date but later than the priority date claimed	

Date of the actual completion of the international search
29 January, 2002 (29.01.02)Date of mailing of the international search report
05 February, 2002 (05.02.02)Name and mailing address of the ISA/
Japanese Patent Office

Authorized officer

Facsimile No.

Telephone No.

INTERNATIONAL SEARCH REPORT

International application No.

PCT/JP01/09259

C (Continuation). DOCUMENTS CONSIDERED TO BE RELEVANT

Category*	Citation of document, with indication, where appropriate, of the relevant passages	Relevant to claim No.
A	EP 1035132 A (Chugai Pharmaceutical Co., Ltd.), 13 September, 2000 (13.09.00), & WO 99/12973 A	1-40

A. 発明の属する分野の分類 (国際特許分類 (IPC))

Int. Cl' C12N15/09, 15/62, C07K16/28, A61K39/395

B. 調査を行った分野

調査を行った最小限資料 (国際特許分類 (IPC))

Int. Cl' C12N15/09, 15/62, C07K16/28, A61K39/395

最小限資料以外の資料で調査を行った分野に含まれるもの

国際調査で使用した電子データベース (データベースの名称、調査に使用した用語)

JICSTファイル(JOIS) MEDLINE(STN) WPI(DIALOG) BIOSIS(DIALOG)

C. 関連すると認められる文献

引用文献の カテゴリー*	引用文献名 及び一部の箇所が関連するときは、その関連する箇所の表示	関連する 請求の範囲の番号
Y	Bijia DENG et al., An Agonist Murine Monoclonal Antibody to the Human c-Mpl Receptor Stimulates Megakaryocytopoiesis., Blood, 15 September 1998, Vol. 92, No. 6, p. 1981-1988	1-40
Y	US 5885574 A (AMGEN INC.) 1999.3.23 & JP 2000-95800 A & EP 773962 B1 & WO 96/03438 A	1-40
Y	KIPRIYANOV et al., Bispecific CD3×CD19 Diabody for T Cell-Mediated Lysis of Malignant Human B Cells., Int. J. Cancer (1998), Vol. 77, No. 5, p. 763-772	1-40

 C欄の続きにも文献が列挙されている。 パテントファミリーに関する別紙を参照。

* 引用文献のカテゴリー

「A」特に関連のある文献ではなく、一般的技術水準を示すもの
 「E」国際出願日前の出願または特許であるが、国際出願日以後に公表されたもの
 「I」優先権主張に疑義を提起する文献又は他の文献の発行日若しくは他の特別な理由を確立するために引用する文献 (理由を付す)
 「O」口頭による開示、使用、展示等に言及する文献
 「P」国際出願日前で、かつ優先権の主張の基礎となる出願

の日の後に公表された文献

「T」国際出願日又は優先日後に公表された文献であって出願と矛盾するものではなく、発明の原理又は理論の理解のために引用するもの
 「X」特に関連のある文献であって、当該文献のみで発明の新規性又は進歩性がないと考えられるもの
 「Y」特に関連のある文献であって、当該文献と他の1以上の文献との、当業者にとって自明である組合せによって進歩性がないと考えられるもの
 「&」同一パテントファミリー文献

国際調査を完了した日 29.01.02	国際調査報告の発送日 05.02.02
国際調査機関の名称及びあて先 日本国特許庁 (ISA/JP) 郵便番号100-8915 東京都千代田区霞が関三丁目4番3号	特許庁審査官 (権限のある職員) 小暮 道明 電話番号 03-3581-1101 内線 3448

C (続き) . 関連すると認められる文献		関連する 請求の範囲の番号
引用文献の カテゴリー*	引用文献名 及び一部の箇所が関連するときは、その関連する箇所の表示	
Y	WO 00/53634 A (CHUGAI PHARMACEUTICAL CO. LTD.) 2000. 9. 14 & EP 1167388 A	1-40
A	Ming-Hong XIE et al., Direct demonstration of MuSK involvement in acetylcholine receptor clustering through identification of agonist ScFv., NATURE BIOTECHNOLOGY, August 1997, Vol. 15, No. 8, p. 768-771	1-40
A	EP 1035132 A (CHUGAI PHARMACEUTICAL CO. LTD.) 2000. 9. 13 & WO 99/12973 A	1-40